



UNIVERSIDADE DE ÉVORA

ESCOLA DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIA

DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA

Estimativas de heritabilidade e correlação genética para caraterísticas morfométricas de zângãos *Apis mellifera* L. africanizados

Marisa Clemente Rodrigues

Orientador: Professora Doutora Fabiana Martins Costa-Maia

Co-orientador: Professor Doutor António Manuel Coelho Murilhas

Mestrado em Engenharia Zootécnica

Dissertação de Mestrado

Évora, 2015



UNIVERSIDADE DE ÉVORA

ESCOLA DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIA

DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA

**Estimativas de heritabilidade e correlação genética para
caraterísticas morfométricas de zângãos *Apis mellifera* L.
africanizados**

Marisa Clemente Rodrigues

Orientador: Professora Doutora Fabiana Martins Costa-Maia

Co-orientador: Professor Doutor António Manuel Coelho Murilhas

Mestrado em Engenharia Zootécnica

Dissertação de Mestrado

Évora, 2015

*“A abelha que, voando, freme sobre
A colorida flor, e pousa, quase
Sem diferença dela
À vista que não olha,
Não mudou desde Cecrops.*

*Só quem vive
Uma vida com ser que se conhece
Envelhece, distinto
Da espécie de que vive.*

*Ela é a mesma que outra que não ela.
Só nós — ó tempo, ó alma, ó vida, ó morte! —
Mortalmente compramos
Ter mais vida que a vida.”*

A Abelha, Ricardo Reis

AGRADECIMENTOS

À Universidade de Évora pelo *“Honesto estudo com longa experiência misturado”* e por ter sido a minha segunda casa durante 6 anos.

À Universidade Tecnológica Federal do Paraná que forneceu a estrutura física para a realização deste trabalho.

Aos Programas de Mestrado em Engenharia Zootécnica/Zootecnia de ambas universidades, a todos os professores que os compõem, por todos os ensinamentos passados.

À Professora Dr. Fabiana Martins Costa-Maia, primeiramente pela confiança que depositou e pela oportunidade de trabalho. Pelo exemplo de pessoa e profissional, pelo amor e entusiasmo ao transmitir os seus ensinamentos, e por me ter recebido tão bem durante 11 meses.

Ao Professor Dr. António Manuel Coelho Murilhas, pelo apoio, co-orientação e pelas suas palavras poéticas desde o início deste meu amor pelas abelhas.

Ao Professor Dr. José António Lopes Castro, que desde cedo despertou a minha curiosidade pelo Melhoramento Genético Animal e por toda a dedicação e palavras inspiradoras.

A todos os integrantes do GPMApis - UTFPR, pelo trabalho braçal, pelas fundamentais tardes de estudo e pela paciência.

À Prof^a. Dra. Michele Potrich pelos ensinamentos de entomologia e exemplo profissional; Ao Prof. Dr. Elias Nunes Martins por tornar o complexo uma coisa simples de entender.

Aos meus pais que lutam diariamente para ver os meus sonhos realizados.

À Qui Geraldo, pela sua força contagiante e pelo email que deu origem à minha ida para terras de Vera Cruz.

Ao Filipe Serrano, muito mais que um amigo, por acreditar em mim em todas as horas.

Aos meus amigos, Ana Lurdes, Xavier, Joaquina, Luísa e Gabriela por todos os momentos que passamos juntos.

Às minhas irmãs brasileiras Jacke, Luciane, Roberta, Maira, Fran, Manu e Jeh, pelos momentos mágicos, por aturarem as minhas saudades de casa e por me fazerem tão feliz durante a minha estadia no Brasil.

A todos aqueles que contribuíram para a condução deste trabalho, de forma direta ou indireta o meu muito obrigada.

ÍNDICE

<u>Resumo</u>	<u>3</u>
<u>Abstract</u>	<u>4</u>
<u>Introdução</u>	<u>5</u>
<u>Materiais e métodos</u>	<u>13</u>
<u>Localização temporal e espacial</u>	<u>13</u>
<u>População de abelhas africanizadas utilizadas</u>	<u>13</u>
<u>Produção de zângões</u>	<u>13</u>
<u>Mensurações à emergência</u>	<u>14</u>
<u>Mensurações à maturidade</u>	<u>16</u>
<u>Estimativas de parâmetros genéticos</u>	<u>17</u>
<u>Resultados e discussão</u>	<u>22</u>
<u>Conclusões</u>	<u>42</u>
<u>Referências</u>	<u>43</u>

Estimativas de heritabilidade e correlação genética para características morfológicas de zangãos *Apis mellifera* L. africanizados

RESUMO

Foram estimados parâmetros fenotípicos e genéticos para o peso e características morfológicas à emergência e maturidade de zangãos africanizados de *Apis mellifera* L. Os dados foram submetidos a análises no domínio da estatística univariada (unicarater) e multivariada (multicarater) para estimar a (co) variância genética, a heritabilidade e as correlações genéticas usando o método Bayesiano. Neste domínio, utilizaram-se duas abordagens ao coeficiente de parentesco entre zangãos irmãos (0.50 e 0.75). Os resultados indicam a inexistência de diferenças relevantes entre as duas abordagens. As variáveis “peso à emergência”, “peso”, “comprimento total”, “comprimento do abdômen”, “comprimento e largura da asa” e “largura do tórax” à maturidade, quando avaliadas separadamente, podem ser utilizadas como critérios de seleção dado que a proporção da variância genética aditiva foi responsável por mais de 50% da variância fenotípica total. Verificou-se que o “peso à emergência” associado às restantes variáveis supracitadas, quando avaliadas à emergência dos zangãos, pode ser utilizado em programas de melhoramento genético animal, promovendo o aumento do valor genético individual. A seleção para o peso à emergência promete um elevado progresso genético para o peso à maturidade. A estimação de parâmetros genéticos para características reprodutivas combinadas com características morfológicas, devidamente apoiada por programas de seleção recorrendo à inseminação artificial, poderá contribuir para o melhor esclarecimento desta questão.

Palavras-chave: *Apis mellifera*, apicultura, inferência bayesiana, melhoramento genético, zangão

Heritability and genetic correlation for morphometric traits of *Apis mellifera* L. africanized honeybee drones

ABSTRACT

Phenotypic and genetic parameters were estimated for weight and morphometric traits at emergence and maturity of africanized honeybee drones of *Apis mellifera* L. Single-trait and two-trait models were used and parameters such as genetic variance, heritability and genetic correlations were estimated using a Bayesian approach. Two kinship coefficients between drones from the same queen were used (0.50 and 0.75). No relevant differences originate from using the two different kinship coefficients. Traits such as “weight at emergence”, “weight”, “total length”, “abdomen length”, “wing length and width” and “thorax width” at maturity, when considered individually, can be used as selection criteria because genetic variance for these traits accounted for more than 50% of the total phenotypic variance. The “emergence weight” combined with other traits assessed at drones' emergence can be used in breeding programs for the improvement of the aforementioned traits. Breeding selection for weight at emergence promises considerable genetic progress for weight at maturity. The combination of genetic parameters for reproductive and morphometric traits in drones properly supported by breeding programs relying on artificial insemination, for an effective mating control, will likely help in clarifying this possibility.

Keywords: *Apis mellifera*, apiculture, bayesian inference, genetics, drone

INTRODUÇÃO

A apicultura tem ultimamente sido uma atividade mediática, muito devido ao atual declínio que se tem vindo a registar no número de colónias de *Apis mellifera* L. em várias geografias do mundo ocidental. De entre várias ações, torna-se também mais evidente a necessidade de compreender de que forma se pode beneficiar de metodologias que permitam uma seleção criteriosa que promova a apicultura mundial. Cobey, Sheppard, & Tarpy (2012) defendem que algumas soluções passam pelo desenho eficaz de programas de melhoramento genético. Estes são delineados de forma a obter colónias com maior resistência a doenças e parasitas, e têm vindo a ganhar apoio devido ao entendimento generalizado entre investigadores de que é necessária uma abordagem genética para assegurar uma população controlada e sustentável a longo prazo. No entanto a indústria apícola ainda não tem acesso a programas de melhoramento padronizados e, como consequência, não beneficia de forma igual dos resultados que estes programas permitiram nas indústrias de produção avícola, leiteira e suinícola. Os programas científicos de melhoramento de *A. mellifera* L. têm sido dependentes do financiamento institucional, o que dificulta a escolha de critérios de seleção para medir características e leva a que a seleção seja frequentemente limitada a fatores ligados à produtividade. A investigação tem neste setor um papel fundamental pois funciona como veículo para resolver questões como a produção de rainhas, produção de zângãos, inseminação artificial, estabelecimento de linhagens, estudos fisiológicos e anatómicos, contribuindo para a profissionalização da atividade e para o aumento da produtividade.

Segundo Fuchs & Schade (1994) os programas de produção apícola têm de ser baseados na seleção de características comportamentais ao nível da colónia e devem ter-se em consideração a dinâmica social desta, o acasalamento das rainhas, as consequências da endogamia e as influências ambientais. Foi demonstrado que a diversidade genética dentro e entre colónias aumenta o *fitness* (esforço para maximização possível para descendência reprodutiva viável) e sobrevivência destas, e ainda que diminui o impacto negativo de parasitas e doenças (Mattila & Seeley, 2007; Richard *et al*, 2007; Gilley *et al.*, 2003; Seeley & Tarpy, 2007; Shoukry *et al.*, 2013). De acordo com Page & Laidlaw (1997) as questões decisivas para obter sucesso no melhoramento genético em abelhas por meio da seleção são (i) a escolha das colónias –

devem ser identificadas e devem existir diferenças que promovam o potencial da população parental; (ii) a manutenção da variabilidade genética; (iii) o controle de acasalamentos; (iv) o rigor na manutenção das genealogias durante todo o programa, ao que Costa-Maia *et al.* (2011) adicionaram (v) a estimação precisa de parâmetros genéticos para a predição de valor genético individual e posterior identificação dos animais geneticamente superiores. A obtenção de parâmetros genéticos requer o conhecimento prévio dos componentes de (co)variância para decompor a variância fenotípica em variância genética e outros componentes. As estimativas dos parâmetros genéticos podem variar consideravelmente como consequência das diferenças genéticas da população, do ambiente, do tipo de análise e do método de estimação de componentes de (co)variância, entre outros. Há portanto necessidade de avaliar estes parâmetros separadamente na população em estudo. A metodologia Bayesiana tem sido utilizada para a estimação de componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos, permitindo a análise de pequenos a grandes conjuntos de dados, proporcionando estimativas diretas e precisas dos componentes de variância, valores genéticos e intervalos de credibilidade para essas estimativas (Van Tassell & Van Vleck, 1995).

Os programas criados até ao momento são prova de que é possível obter linhagens que apresentem características desejáveis por meio de critérios de seleção estabelecidos e estudados previamente (Cobey, Sheppard & Tarpy, 2012).

A seleção massal é referenciada como o primeiro método utilizado em populações que não sofreram nenhuma ação de melhoramento. Em abelhas resulta em bons ganhos iniciais, principalmente em híbridos africanizados, graças à sua grande variabilidade genética mas não deve ser realizado em populações pequenas. Entre as ferramentas para o melhoramento genético está a técnica da inseminação instrumental que permite potencializar os programas de melhoramento genético pelo controle dos acasalamentos, propiciando a formação de matrizes de parentesco com a contribuição parental (Kerr & Vencovsky, 1982).

A seleção e o melhoramento devem ser feitos pela escolha dos animais com maiores valores genéticos para determinada característica. Como não se pode medir o valor genético diretamente (mas sim o valor fenotípico), é necessário saber que proporção da variância total é atribuída ao efeito genético do indivíduo. Esse indicador é a heritabilidade (Rinderer, 1977; Falconer, 1987; Lopes, 2005). Muitas características importantes das abelhas podem ser avaliadas por meio das suas correlações (Rinderer,

1986). O seu estudo é necessário, pois características economicamente importantes geralmente estão correlacionadas (Falconer, 1987; Lopes, 2005). A correlação permite quantificar a relação entre duas características possibilitando o uso de seleção indireta que, em alguns casos, permite altos ganhos (Cruz, 2001). A correlação fenotípica é a associação que pode ser observada diretamente e apresenta dois componentes, um genético e outro ambiental (Lopes, 2005).

Costa-Maia (2009) fez um levantamento das estimativas de heritabilidade publicadas, a partir de 1978, para a produção de mel em *Apis mellifera* L. Estas variaram entre 0.07 a 0.58 (Soller & Bar-Cohen, 1967; Bar-Cohen, Alpern & Bar-Anan, 1978). No entanto, na metodologia usada não foram devidamente consideradas as covariâncias entre rainha e operárias. Chevalet & Cournet (1982) adaptaram à *A. mellifera* o modelo desenvolvido por Willham (1963), que separou as estimativas de heritabilidade para efeito direto e materno. Bienefeld & Pirchner (1990) estimaram parâmetros genéticos através do método de quadrados mínimos e encontraram heritabilidades para operárias e rainhas na produção de mel (0.26 e 0.15), cera (0.39 e 0.45), para variáveis associadas ao comportamento defensivo (0.41 e 0.40) e desenvolvimento colonial primaveril (0.76 e 0.46). Bienefeld & Pirchner (1991) derivaram o índice de seleção para várias características considerando simultaneamente os efeitos de rainha e operárias. Bienefeld, Ehrhardt & Reinhardt (2007) consideraram que o uso de índices de seleção estava ultrapassado em função das influências ambientais e diferenças genéticas nos níveis de acasalamentos, sugerindo a utilização do Modelo Animal 'BLUP' (*Best Linear Unbiased Prediction*) com adaptações pertinentes às abelhas. De acordo com o modelo 'BLUP', desenvolvido por Henderson (1975), foram desenvolvidas e adaptadas metodologias eficientes para estimar os valores genéticos em animais de produção pecuária. Utilizando este modelo animal, Costa (2005) avaliou parâmetros genéticos e fenotípicos em rainhas africanizadas para o peso vivo e os comprimentos e larguras da asa e abdômen e verificou potencial de seleção em todas as características de forma direta. Fraquinello (2007), através de estimativas de parâmetros genéticos, concluiu que existe potencial de seleção para aumentar a produção de geleia real usando como critério a largura do abdômen das rainhas recém-emergidas. Costa-Maia (2009) estimou parâmetros genéticos para a produção de mel, peso e características morfométricas da rainha, considerando o efeito genético materno. As heritabilidades encontradas para o peso da rainha à emergência e para a produção de mel foram 0.76 e

0.34, respetivamente. Encontraram-se efeitos diretos e maternos fortemente correlacionados de forma positiva (0.73), demonstrando que a seleção por meio do peso da rainha produzirá ganhos correlacionados na produção de mel.

A utilização do modelo animal 'BLUP' é considerada bem-sucedida para a seleção de abelhas (Zakour *et al.*, 2012). Para a média da produção de mel obtida em todos os estudos desenvolvidos em raças europeias foi encontrado um valor de heritabilidade de 0.32, valor que indica que a seleção pode ser eficaz e levar a ganhos genéticos para as características em estudo (Zakour *et al.*, 2012). Num estudo sobre aspetos genéticos de características morfométricas e reprodutivas de rainhas, Martins (2014) concluiu que a seleção pelo peso à emergência deve resultar em rainhas com ovários mais pesados, indicando que esta característica pode ser utilizada em programas de melhoramento genético visando maior potencial reprodutivo de rainhas de *A. mellifera*. Brascamp & Bijma (2014) mostraram como a matriz de parentesco e a sua inversa podem ser uma opção para estimar valores genéticos e componentes de variância para populações de abelhas. Costa-Maia *et al.* (2015) recorrendo à abordagem Bayesiana, encontraram (na mesma população de zângãos onde este estudo foi desenvolvido) heritabilidades de 0.70, 0.68, 0.69, 0.63, 0.67, 0.68 e 0.70 para o peso à emergência; o peso à maturidade; a área, volume e peso das glândulas do muco e a área e volume das vesículas seminais, respetivamente. Por meio das correlações genéticas estimadas nesse trabalho, como o peso à emergência e o volume das vesículas seminais (0.44), concluiu-se que a seleção de zângãos com valor genético superior para peso à emergência pode proporcionar zângãos com maior capacidade de armazenamento de sémen. O estudo de Costa-Maia *et al.* (2015) corrobora os trabalhos desenvolvidos por Jarolimek & Otis (2001) e Schlüns, Schlüns, & Praagh (2003), os quais demonstram a existência de uma correlação fenotípica significativa entre o tamanho do zangão e o número de espermatozoides. Esta correlação é também suportada pelo facto de zângãos africanizados terem peso médio significativamente inferior e ao mesmo tempo um menor número médio de espermatozoides comparativamente a zângãos europeus (Rinderer *et al.*, 1985).

A variabilidade genética dentro de uma população é um reflexo direto do número de zângãos que acasalaram com a rainha (Tarpy *et al.*, 2000) e é importante, pois maior variabilidade resulta em maior potencial de resposta à seleção e num processo genético mais rápido (Rinderer & Collins, 1986). O melhoramento genético visa o aumento das

frequências génicas dos *loci* de importância económica a serem selecionados na população em estudo.

No entanto a avaliação genética em abelhas não foi tão estudada como noutras espécies animais, sobretudo devido às peculiaridades do seu sistema de acasalamento (Rinderer, 1977; Page & Laidlaw, 1982; Moritz, 1986; Bienefeld, Ehrhardt & Reinhardt, 2007; Costa-Maia *et al.*, 2011; Cobey, Sheppard & Tarpy, 2012; Brascamp & Bijma, 2014). Nas colónias de *A. mellifera* L. geralmente existem rainhas, obreiras e zângãos. Cada tentativa de iniciar um novo ciclo reprodutivo começa com uma rainha virgem. Alguns dias após a sua emergência do alvéolo real, esta deixará temporariamente a colónia para realizar um (ou mais) voo(s) nupcial(ais) onde acasalará com vários zângãos reunidos em zonas de congregação. Os machos morrem imediatamente após a cópula, acasalando apenas com uma rainha. Após a cópula com vários zângãos (frequentemente num único voo nupcial), a rainha armazena na sua espermateca os espermatozoides que utilizará durante toda a sua vida produtiva (Moritz & Southwick, 1992). Durante este período, poderá originar dois tipos de ovos: fertilizados e não fertilizados. As rainhas e as operárias são indivíduos diplóides. Os zângãos que sobrevivem naturalmente na colónia são haplóides. A *A. mellifera* adota assim a haplodiploidia (presente na Ordem Himenoptera a que pertence) como sistema de determinação sexual. Dado que a descendência masculina herda apenas material genético proveniente da sua mãe (Laidlaw & Page, 1984), os machos podem ser considerados gametas voadores e amplificadores de cada um dos gametas da progenitora (Brascamp & Bijma, 2014).

Considerando o hábito de acasalamento múltiplo da rainha e a natural existência de machos haplóides, numa colónia de *A. mellifera* o parentesco dos indivíduos nela originados pode variar entre 0.25 e 0.75 (Crow & Roberts, 1950; Polhemus, Lush & Rothenbuhler, 1950; Laidlaw & Page, 1984; Moritz & Southwick, 1992; Bienefeld, Ehrhardt & Reinhardt, 2007). O coeficiente da relação de parentesco (probabilidade de que num *locus* escolhido ao acaso, o indivíduo 'B' partilhe um alelo idêntico ao do indivíduo 'A') entre rainha 'A' e zangão filho 'B' (0.5) é diferente do coeficiente de relação de parentesco entre zangão 'A' e rainha mãe 'B' (1), que indica a assimetria no relacionamento entre a rainha e a sua descendência masculina. Isto significa que apenas metade dos genes da rainha estão representados em cada um dos seus filhos zângãos, mas todos os genes de cada um dos seus filhos zângãos foram dela herdados (Moritz &

Southwick, 1992). O coeficiente de coancestralidade é a relação de parentesco entre um indivíduo e os próprios gametas, que entre rainha e zangão é igual a 0.5 mas o cálculo da relação de parentesco, que inclui o coeficiente de consanguinidade dos zângãos, é igual a $\frac{1}{\sqrt{2}}$, aproximadamente 0.707 (Moritz & Southwick, 1992). Os zângãos são haploides e por isso os seus espermatozoides são cópias do seu genótipo. Como consequência os termos da amostragem Mendeliana entre irmãos estão correlacionados e a matriz de covariância da amostragem Mendeliana não é diagonal (Brascamp & Bijma, 2014). As diferenças fundamentais entre os sistemas haplodiplóides e diplóides na genética das populações prendem-se com a manutenção da variabilidade genética, as taxas de evolução e as assimetrias nas relações genéticas entre indivíduos (Page, 1986). A fertilidade da rainha depende também da quantidade e qualidade do sémen armazenado na sua espermateca. No voo de acasalamento a rainha pode ser fecundada por 1 a 17 zângãos (Moritz & Southwick, 1992). A rainha tem capacidade para armazenar 4.3-7.0 milhões de espermatozoides na sua espermateca (Taha & Alqarni, 2013). Um passo fundamental para o sucesso da fecundação de rainhas é a criação de zângãos saudáveis. O período de desenvolvimento do zangão dura 24 dias: 3 dias de ovo, 6 dias de larva e 15 dias entre pré-pupa e pupa (Winston, 1988). A espermatogénese (formação de espermatozoides), tem início na fase larvar e termina na fase de pupa (Cruz-Landim, 2004). Na primeira semana de vida adulta, os espermatozoides são transferidos dos testículos para as vesículas seminais, onde são armazenados até ao momento do acasalamento (Cruz-Landim, 2009). Os testículos são maiores durante a fase de pupa sendo que após a primeira semana de vida adulta começam a regredir (Page & Peng, 2001). Nos zângãos a transferência de espermatozoides dos testículos para as vesículas seminais está frequentemente concluída entre os 10-12 dias após emergência. É a partir dessa idade que se consideram os zângãos sexualmente maduros (Woyke, 1955; Woyke & Ruttner, 1958). Um zangão pode produzir entre 1.5 a 1.7 μ l de sémen (Rhodes, 2008). A quantidade e qualidade do sémen é importante para o sucesso da fecundação natural e inseminação artificial. Rainhas inseminadas com poucos espermatozoides viáveis podem ser substituídas precocemente pela colónia (Cobey, 2007). A viabilidade do sémen produzido pelos zângãos é menor se estes forem armazenados a temperaturas elevadas (superiores a 40 °C) após emergência visto que o ambiente onde os zângãos são desenvolvidos pode afetar a qualidade do sémen (Bienkowska *et al.*, 2011; Ben

Abdelkader *et al.*, 2013). A viabilidade do sémen aumenta com a idade do zangão, até aos 30 dias após emergência. No entanto o volume do sémen decresce com a idade (Czekońska *et al.*, 2013). Os zângãos têm aproximadamente 55 dias de vida útil, tornando-se menos eficientes reprodutivamente a partir dos 28 dias (Czekońska *et al.*, 2013).

A produção de machos viáveis é um aspeto limitante para a produção de rainhas acasaladas e a chave para a sua produção passa pela compreensão dos fatores que podem estar na influência da sua manutenção ou eliminação. Essa produção é sazonal e depende de variáveis tais como o tamanho da colónia, a disponibilidade de alimento, o número de zângãos presentes e a ausência da rainha (Boes, 2010). A qualidade andrológica é afetada por vários fenómenos como a subespécie, a idade, a época, a suplementação alimentar, o tamanho dos alvéolos, a infestação de parasitas ou a população da colónia (Wharton, Dyer & Getty, 2008; Boes, 2010). Em circunstâncias normais os zângãos são produzidos simultaneamente com as obreiras, mas a sua produção pode ser estimulada por várias ações de manejo (por exemplo, as que garantem um fluxo constante de suplementação proteica e energética à colónia).

O principal problema metodológico associado ao melhoramento da *Apis mellifera* está relacionado com o desempenho e comportamento da colónia, uma vez que estes resultam da interação entre rainha e operárias (Bienefeld, Ehrhardt & Reinhardt, 2007). A rainha oferece contribuição ambiental aos seus filhos, a partir da produção de feromonas, quantidade e qualidade dos ovos produzidos (Bienefeld & Pirchner, 1990). Sendo determinados pelo genótipo da rainha e pelo ambiente o seu impacto na descendência é contudo estritamente ambiental (Bienefeld, Ehrhardt & Reinhardt, 2007; Costa-Maia *et al.*, 2011). Segundo Rhodes (2002) a performance insatisfatória de rainhas recém fecundadas deve-se, em grande parte, à quantidade e qualidade dos zângãos presentes no local de acasalamento. O volume de sémen, o número de espermatozoides e a sua viabilidade estão relacionados com o tamanho do zangão, assim como zângãos maiores tendem a ser favorecidos no voo de acasalamento (Rinderer, 1985; Rhodes, 2002; Schlüns *et al.*, 2003). Estudos feitos com dados fenotípicos relataram que zângãos mais pequenos têm desvantagens reprodutivas (Trivers, 1985; Berg *et al.*, 1997; Jarolimek & Otis, 2001; Alcock & Thornhill, 2014). Schlüns *et al.* (2003) relatam a existência de uma correlação fenotípica positiva entre o

tamanho da asa e o número de espermatozoides. No entanto todos os estudos publicados até ao momento se baseiam em valores fenotípicos que pouco concluem sobre a identificação de critérios de seleção para programas de melhoramento genético que visem o progresso genético com menor intervalo entre gerações.

O objetivo deste trabalho foi o de estimar parâmetros genéticos, fenotípicos e componentes de (co)variância para o peso e algumas características morfométricas de zângãos de *A. mellifera* africanizada como suporte para estabelecer futuros programas de melhoramento genético em abelhas.

Neste trabalho, as questões a que se pretendeu responder foram: (i) qual a proporção de variância genética aditiva (na variância fenotípica total) para características morfométricas dos zângãos à emergência e à maturidade, de modo a testar as suas possibilidades de utilização (em associação com a utilização de inseminação instrumental) em programas de melhoramento genético de abelhas; (ii) qual a correlação genética entre o peso à emergência e o peso à maturidade e (iii) qual a abordagem mais adequada em termos de utilização de coeficientes de parentesco entre zângãos irmãos (0.50 ou 0.75) face às limitações dos modelos até então utilizados.

MATERIAIS E MÉTODOS

Localização espacial e temporal

Toda a componente experimental do projeto decorreu na época de primavera-verão (Outubro de 2013 a Abril de 2014) no apiário e laboratório da Unidade de Ensino e Pesquisa de Apicultura (UNEPE) da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus de Dois Vizinhos, Brasil.

População de abelhas africanizadas utilizadas

Foram utilizadas nove colônias de uma população de *A. mellifera* africanizada que sofreu seleção por meio de avaliação genética para peso da rainha à emergência durante cinco gerações, com término em 2012. Por isso no período de produção de zângãos a pressão de seleção para essa característica não se verificou, portanto considera-se que a população de abelhas utilizada estava sob processo de seleção relaxada (Bryant, 1999; Evans & Wheeler, 2001; Lahti *et al.*, 2009).

As nove rainhas utilizadas para a produção de zângãos estavam identificadas no tórax com discos de opalite diferentemente numerados e coloridos.

Produção de zângãos

Os zângãos foram produzidos por meio de postura programada de Outubro a Novembro de 2013. Para isso foram produzidos favos com alvéolos de zângãos segundo a metodologia sugerida por Williams and Free (1975). As colônias produtoras de zângãos foram suplementadas semanalmente com alimento proteico descrito por Sereia (2009) e alimento energético composto de sacarose e água (1:2 P/V). De acordo com Boes (2010), o efeito da indução da produção de zângãos depende também do número de machos pré-existentes na colônia, tendo por isso a maior parte dos machos presentes nas colônias de teste sido eliminados antes da suplementação alimentar. Para estimular a produção de zângãos foram introduzidos no meio do ninho quadros com cera puxada com alvéolos de zangão. Aquando da introdução dos quadros foi certificado o estado sanitário e a população das colônias, garantindo a sua uniformidade e padronização (*i.e.*, todas as colônias escolhidas para a produção de zângãos tinham oito espaços inter-quadros totalmente ocupados por abelhas). Ao fim de três dias foram inspecionadas as posturas e, na presença de criação de zangão, foram previstas as datas de emergência

(tendo em conta que desde a postura de ovos de zangão se devem contar cerca de 23 a 24 dias para a emergência dos zângãos adultos). No caso de não ter existido postura de criação de zangão pelas rainhas nos três primeiros dias, os quadros continuavam sobre observação até que tal se verificasse. Ao 23º dia após a confirmação de postura de zangão, os quadros foram cuidadosamente levados para a estufa da UNEPE, previamente preparada para os receber (temperatura entre 33 - 34°C e humidade relativa do ar de 60%). Na estufa, os quadros com criação operculada foram colocados dentro de uma tela de pano com rede transparente e monitorizados de forma ininterrupta até à emergência do último zangão. À emergência de cada zangão, a genealogia, a data e hora, o peso e as medições morfométricas efetuadas (que se descreverão seguidamente) foram registadas.

Mensurações à emergência

Para as medidas do peso, do comprimento corporal, do comprimento e largura do abdómen e da asa anterior direita e do comprimento, largura e altura do tórax, os zângãos recém-emergidos foram anestesiados com dióxido de carbono (CO₂) numa câmara de gás adaptada. Em seguida foi registado o peso vivo (em mg, com precisão de 0.0001g) numa balança analítica (Figura 1). O comprimento corporal e o comprimento e largura do abdómen, da asa anterior direita e do tórax (em mm, Figura 1) foram obtidos com um paquímetro digital (Figura 2). Durante as medições, a presença de vários membros da equipa de investigação foi solicitada de forma a tentar garantir a minimização do tempo de espera para recolha de dados. No entanto, nem todos os zângãos foram mensurados imediatamente após emergência, pelo que o tempo de espera entre emergência e mensurações foi também registado. Após recolha de informações de peso e de morfometria, os zângãos foram individualmente identificados com marcação torácica única, garantida por discos coloridos e numerados de opalite (Figura 3).

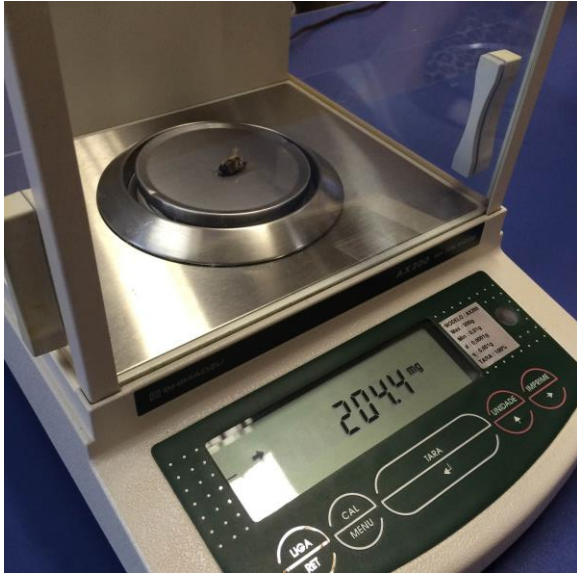


Figura 1 e 2. Pesagem de zangão na balança analítica, Shimadzu/AX 200. Medição da largura do abdômen de zangão com paquímetro digital (Starfer-150 mm, com resolução máxima de 0.01 mm), respectivamente.



Figura 3. Zângãos identificados com marcas coloridas e numeradas de opalite, após medições à emergência.

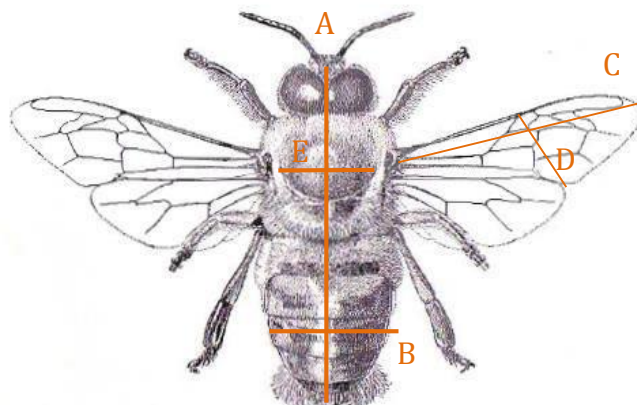


Figura 4. Esquematização dos segmentos medidos com paquímetro digital de zangão *Apis mellifera* (A) Comprimento total, (B) Largura do abdômen, (C) Comprimento asa e (D) Largura da asa e (E) Largura do tórax. Fonte: Adaptada de Dade (1994).

Mensurações à maturidade

Após as medições à emergência, os zangãos identificados foram levados para o campo e distribuídos por núcleos Langstroth de cinco quadros, designados de colônias recetoras, sem rainha e sem zangãos, mas com obreiras e com quadros de criação aberta e operculada de operárias (Free, 1957; Williams & Free, 1975; Wharton *et al.*, 2007; Wharton, Dyer & Getty, 2008; Boes, 2010). As colônias recetoras foram diariamente suplementadas com alimento energético composto de sacarose e água (1:2 P/V) e suplemento proteico artificial desenvolvido por Sereia (2009). Ao 24º dia após emergência, os zangãos individualmente identificados (Figura 5) foram recolhidos das colônias recetoras para uma caixa de esferovite com operárias e algodão embebido em água. Após este procedimento foram levados para o laboratório da UNEPE para as devidas medições. O procedimento foi igual ao descrito nas medidas efetuadas à emergência.



Figura 5. Zângãos identificados com discos coloridos e numerados no tórax em quadro de colônia recetora.

Estimativas dos parâmetros genéticos

Obtidas as informações relativas ao peso, ao comprimento total, ao comprimento e largura do abdômen, da asa e do tórax dos zângãos estudados à emergência e à maturidade, foram posteriormente realizadas análises univariadas e bivariadas para a consecução das estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos por meio do programa 'MTGSAM' (*Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models*) desenvolvido por Van Tassell & Van Vleck (1995) para sistemas diplóides.

Adotando o coeficiente de parentesco entre zângãos irmãos de 0.50, o banco de dados inclui informações relativas a 1117 zângãos mensurados à emergência e de 336 desses zângãos mensurados à maturidade, totalizando 1117 animais na matriz de parentesco (Figura 6). Quando se adotou para este coeficiente o valor de 0.75 (pela adição das mães e pais considerados também avôs) o banco de dados contém informação relativa a 1144 zângãos. No banco de dados constam 1108 observações do peso, 1117 do comprimento total, 1116 do comprimento do abdômen, 1117 da largura do abdômen, 1114 do comprimento da asa anterior direita, 1113 da largura da asa anterior direita e 1117 do comprimento, largura e altura do tórax à emergência. À maturidade constam 336 observações para o peso, 330 para o comprimento total, 333

para o comprimento e largura do abdômen, 331 para o comprimento da asa anterior direita e 333 para a largura, comprimento e largura do tórax.

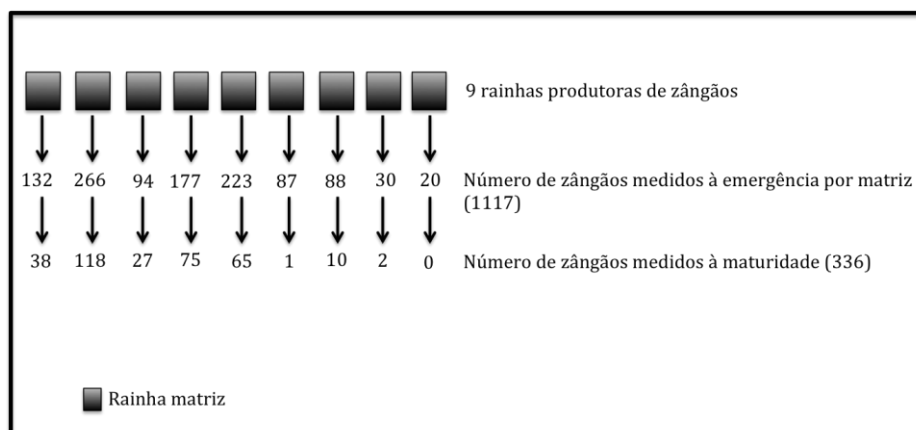


Figura 6. Esquematização da produção e medição de zângãos. Foram medidos 1117 zângãos à emergência e capturados 336 à maturidade sexual.

Como já anteriormente referido, e admitindo que os zângãos filhos da mesma rainha apresentam entre si uma relação de parentesco de 0.707 e que o software utilizado não foi desenvolvido para assumir parentescos entre irmãos superiores a 0.50, foram utilizados dois 'graus de parentesco' para obtenção das estimativas de parâmetros genéticos e assim tornar possível a escolha da melhor abordagem. Foram assim criados dois bancos de dados. O primeiro considerando 0.50 como coeficiente de parentesco entre irmãos (Figura 7). O segundo considerando 0.75 (Figura 8), utilizando os avós também como pais para criar a aproximação ao parentesco real (0.707).

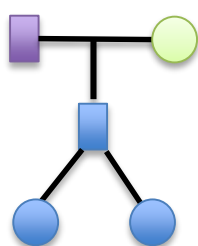


Figura 7. Esquematização considerando o parentesco de 0.50 entre zângãos irmãos (●).

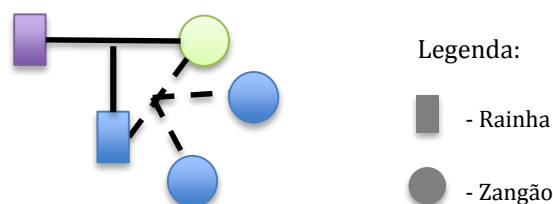


Figura 8. Esquematização considerando o coeficiente de parentesco de 0.75 entre irmãos (●). O tracejado representa o acasalamento "virtual" que originaria um zângão "virtual", tendo o pai como avô.

Nos dados recolhidos no momento da emergência dos zângãos, o efeito fixo considerado foi a época (detalhar os meses de recolha) de recolha das informações. O tempo de espera entre a emergência dos zângãos e as medições foi considerado como covariável. Nos dados obtidos à maturidade sexual dos zângãos, os efeitos fixos foram a época do ano e a colónia recetora. Os efeitos aleatórios assumidos foram o efeito genético aditivo e o erro residual. Foram assumidas as pressuposições de que os efeitos fixos têm distribuição uniforme e de que os componentes de variância apresentam distribuição de Gama e Wishart invertida. Para os efeitos aleatórios foi assumida a distribuição normal. Por meio do método da amostragem de Gibbs foi realizada estimação Bayesiana.

O modelo adotado neste estudo foi o modelo animal 'BLUP', desenvolvido por Henderson (1975) e representado pela seguinte equação:

$$y = X\beta + Za + e$$

em que:

y é o vetor de observações;

X é a matriz de incidência dos efeitos fixos, contida no vetor β ;

β é vetor de efeitos fixos;

Z é a matriz de incidência dos valores genéticos aditivos;

a é o vetor de efeitos genéticos;

e é o vetor dos erros aleatórios associados a cada observação.

Foi assumido que os vetores y , a e e apresentam distribuição conjunta normal multivariada, como segue abaixo:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} ZGZ' + R & ZG & R \\ GZ' & G & 0 \\ R & 0 & R \end{bmatrix} \right\}$$

Na análise univariada, G é a matriz de (co)variâncias genéticas dada por $A\sigma_a^2$, sendo A a matriz de parentesco entre as rainhas e σ_a^2 a variância genética aditiva; R é a matriz de variância residual dada por $I\sigma_e^2$ sendo I a matriz identidade de ordem igual ao número de zângãos e σ_e^2 , a variância residual da característica.

Para as análises bicarater, a matriz G é dada por G_0A , sendo A a matriz de parentesco e G_0 a matriz de (co)variância genética aditiva, como segue:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1a_2} \\ \sigma_{a_2a_1} & \sigma_{a_2}^2 \end{bmatrix}$$

A matriz R é dada por R_0I , sendo I a matriz identidade de ordem igual ao número de zângãos e R_0 a matriz de (co)variâncias residuais, como segue:

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} \\ \sigma_{e_2e_1} & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$$

Para implementação da amostragem de Gibbs foi utilizado um tamanho de cadeia inicial de 550.000 ciclos e intervalo de utilização amostral de 1000 ciclos, com períodos de rejeição amostral de 50.000 ciclos, gerando um total de 500 amostras iniciais das estimativas dos parâmetros estudados para todas as análises. Nas análises univariadas (unicarater) foram geradas cadeias de Gibbs de 550.000 iterações para todas as características.

Para a realização das análises multivariadas (bicarater) foram gerados tamanhos de cadeias de Gibbs entre 550.000 a 1.450.000 iterações de acordo com a necessidade da convergência das cadeias.

As distribuições posteriores de heritabilidades e correlações genéticas e fenotípicas para todas as características possíveis, combinadas duas a duas, foram calculadas por meio das respectivas equações:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2}$$

em que:

h^2 é a estimativa de heritabilidade;

σ_a^2 é a variância genética aditiva;

σ_y^2 é a variância fenotípica.

$$r_g = \frac{\sigma_{a_1 a_2}}{\sqrt{\sigma_{a_1}^2 \times \sigma_{a_2}^2}}$$

em que:

$r_{g_{1,2}}$ é a correlação genética entre as caraterísticas 1 e 2, respetivamente;

$\sigma_{a_1 a_2}$ é a covariância genética aditiva entre as caraterísticas 1 e 2, respetivamente;

$\sigma_{a_1}^2$ e $\sigma_{a_2}^2$ são as variâncias genéticas aditivas das caraterísticas 1 e 2, respetivamente.

$$r_y = \frac{\sigma_{y_1 y_2}}{\sqrt{\sigma_{y_1}^2 \times \sigma_{y_2}^2}}$$

em que:

$r_{y_{1,2}}$ é a correlação fenotípica entre as caraterísticas 1 e 2, respetivamente;

$\sigma_{y_1 y_2}$ é a covariância fenotípica entre as caraterísticas 1 e 2, respetivamente;

$\sigma_{y_1}^2$ e $\sigma_{y_2}^2$ são as variâncias fenotípicas das caraterísticas 1 e 2, respetivamente.

O acompanhamento da convergência das cadeias foi feito por meio da utilização dos testes de diagnóstico de Heidelberger e Welch (1983), disponíveis no 'CODA' (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*) implementado no programa R (2013), onde foram também calculadas as estimativas das modas. Para obter as probabilidades de as correlações genéticas assumirem valores acima de zero, foi calculada a percentagem das densidades anteriores geradas apresentarem valores positivos para cada uma das análises bicarater. Foram construídos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade para todos os componentes de (co) variância e parâmetros genéticos estimados, ao nível de 90% de credibilidade. O intervalo de credibilidade é um intervalo de probabilidade *a posteriori*, estes intervalos de credibilidade bayesianos não coincidem com os intervalos de confiança frequentistas uma vez que o intervalo de credibilidade incorpora informação contextual específica do problema da distribuição *a priori*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias e desvios padrão das características medidas à emergência foram 240.79 ± 21.38 mg; 15.56 ± 0.81 mm; 7.98 ± 0.79 mm; 5.59 ± 0.35 mm; 12.23 ± 0.67 mm; 3.92 ± 0.30 mm; 5.05 ± 0.53 mm; 5.24 ± 0.37 mm; 5.52 ± 0.37 mm para peso, comprimento total, comprimento do abdômen, largura do abdômen, comprimento da asa anterior direita, largura da asa anterior direita, comprimento do tórax, largura do tórax e altura do tórax, respetivamente. À maturidade, essas medidas foram 202.26 ± 20.85 mg; 15.37 ± 0.91 mm; 7.69 ± 0.68 mm; 5.50 ± 0.48 mm; 12.36 ± 0.96 mm; 3.86 ± 0.61 mm; 5.05 ± 0.52 mm; 5.26 ± 0.34 mm para peso, comprimento total, comprimento do abdômen, largura do abdômen, comprimento da asa anterior direita, largura da asa anterior direita, comprimento do tórax e largura do tórax, respetivamente. O peso médio dos zângãos foi a característica que mais mudou entre a emergência e a maturidade, o peso à emergência foi 19% superior ao peso à maturidade. Esta diminuição de peso à maturidade pode ter estado relacionada com a involução testicular dos zângãos que surge associada à migração de espermatozoides para as vesículas seminais, que frequentemente decorre entre a segunda semana de pupação até à primeira semana após emergência. Adicionalmente, fatores como efeito da colônia recetora e a época do ano em que os zângãos foram mensurados podem ter influenciado o peso, visto que o número de operárias, incidência de ácaros de varroa e reservas alimentares podem ter influência nesta característica (Free, 1957; Williams & Free, 1975; Boes, 2010). No caso das estimativas genéticas estes efeitos foram corrigidos sendo utilizados como efeito fixo.

Comparativamente a outros estudos realizados, o peso médio dos 1108 zângãos (240.79 ± 21.38 mg) pesados à emergência foi superior ao observado por Rinderer *et al.* (1985): 194.6 ± 3.5 mg em zângãos africanizados (n=34) e 220.2 ± 5.3 mg em zângãos europeus (n=25). A média do peso corporal individual encontrada neste trabalho foi ligeiramente inferior à de zângãos de *A. m. scutellata* (243.5 ± 3.92 mg, n=25) e superior às de zângãos de *A. m. ligustica* (225.9 ± 3.76 mg, n=25) e de zângãos híbridos destas duas subespécies (219.6 ± 2.01 mg, n=25) relatadas por Woyke (1978). A média de peso corporal de zângãos de *A. mellifera carnica* encontrada por Duay, De Jong, & Engels (2003) foi de 277.1 ± 16 mg (n=158), superior à média de peso obtida no presente trabalho. Por outro lado, Shoukry *et al.* (2013) encontraram, numa população

de *Apis mellifera* no Egito, um peso médio para os zângãos estudados de 211 ± 0.01 mg (n=30).

Relativamente ao comprimento (12.23 ± 0.67 mm) e largura (3.92 ± 0.30 mm) da asa anterior direita à emergência, as médias encontradas neste trabalho foram superiores às encontradas no trabalho de Shoukry *et al.* (2013), 11.22 ± 0.30 mm e 3.64 ± 0.25 mm, respetivamente. Woyke (1978) verificou que o tamanho das asas anteriores dos machos é superior ao tamanho das asas anteriores das fêmeas. Costa-Maia (2009) encontrou os valores 10.35 ± 0.59 mm para o comprimento e 3.61 ± 0.32 mm para a largura da asa anterior direita de rainhas *Apis mellifera* africanizadas à emergência. Esses valores são inferiores aos encontrados neste trabalho (12.23 ± 0.67 mm e 3.92 ± 0.30 mm, respetivamente). Para Schlüns, Schlüns, & Praagh (2003) o comprimento da asa anterior direita foi considerado uma medida relevante, uma vez que apresentou correlação fenotípica positiva com o número de espermatozoides produzidos. Porém, num programa de melhoramento, não deve ser apenas considerada a relação fenotípica por poder mascarar (através da componente ambiental) a componente genética reveladora do verdadeiro potencial do animal. A proporção de variância genética aditiva dentro da variância fenotípica deve ser identificada para que a morfometria da asa possa ser utilizada como critério de seleção visando a obtenção de ganhos genéticos em número de espermatozoides produzidos.

O estudo do comprimento e da largura do abdómen, onde se encontram os órgãos do sistema reprodutor, é relevante por poder ser utilizado para a avaliação do crescimento e do desenvolvimento corporal dos zângãos, fornecendo informações importantes para identificação da população em estudo. A morfometria do abdómen pode ser indicadora do potencial reprodutivo e assim utilizada como critério de seleção para melhorar a performance reprodutiva (Costa-Maia *et al.*, 2015). Os zângãos têm o abdómen mais robusto que as fêmeas, sendo por isso expectável que a sua largura seja superior à das castas do género feminino. As médias do comprimento e da largura do abdómen dos zângãos avaliados neste trabalho foram 7.98 ± 0.79 mm e 5.59 ± 0.35 mm, respetivamente. Assim, o comprimento e a largura média dos abdómens estudados foram inferior e superior às estimativas obtidas por Martins (2014) para rainhas de *A. m.* africanizadas: 10.60 ± 0.87 mm e 4.89 ± 0.38 mm, respetivamente.

As estimativas de comprimento e largura do tórax (5.05 ± 0.53 mm; 5.24 ± 0.37 mm, respetivamente) foram superiores às obtidas por Woyke (1978): 4.28 ± 0.01 e 4.53

± 0.01 , respetivamente, para várias subespécies de zângãos mensurados à emergência. No entanto a altura do tórax relatada por este autor foi superior (5.85 ± 0.02 mm) à observada no presente trabalho (5.52 ± 0.37 mm).

Estas diferenças entre médias podem ser justificadas pela composição genética diferenciada entre as populações, pelo número de zângãos medidos e/ou por fatores ambientais a que as populações em estudo estavam sujeitas.

Um dos possíveis fatores explicativos para a aparente superioridade das médias encontradas neste trabalho (comparativamente aos estudos supracitados realizados por outros autores) prende-se com a origem da população usada. De facto, as rainhas do apiário da UNEPE têm vindo a ser sujeitas, em gerações anteriores, a seleção pelo valor genético do peso.

Os componentes de variância e heritabilidades estimadas através das análises univariadas (unicarater) são apresentadas nas Tabelas 1, 2, 3 e 4. Os valores das estimativas apresentados nas tabelas correspondem a valores médios gerados pela amostragem de Gibbs.

Houve convergência para todas as cadeias obtidas em análise unicarater para as medidas morfométricas. As estimativas foram precisas e simétricas de acordo com os intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade.

Tabela 1 - Estimativas de **variância genética aditiva** (σ_a^2), residual (σ_e^2), fenotípica (σ_y^2) e heritabilidade (h^2) em análise unicaraterística, com seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, para peso corporal (PESO), comprimento corporal total (CTOTAL), comprimento (CABD) e largura (LABD) do abdômen, comprimento (CASA) e largura (LASA) da asa anterior direita, comprimento (CTORAX), largura (LTORAX) e altura (HTORAX) do tórax, de zângãos africanizados de *Apis mellifera*, à **emergência**, considerando o coeficiente de parentesco de **0.50**.

Variáveis	Estimativas			
	σ_a^2	σ_e^2	σ_y^2	h^2
PESO	474.37 (201.23 – 671.97)* (240.66 – 692.64)**	117.59 (23.86 – 262.42) (13.90 – 233.93)	591.96 (459.98 – 705.33) (457.65 – 696.49)	0.78 (0.43 – 0.96) (0.52 – 0.98)
CTOTAL	0.36 (0.13 – 0.86) (0.07 – 0.71)	0.39 (0.14 – 0.52) (0.20 – 0.54)	0.76 (0.63 – 1.01) (0.61 – 0.93)	0.45 (0.20 – 0.85) (0.15 – 0.77)
CABD	0.30 (0.09 – 0.73) (0.06 – 0.62)	0.38 (0.15 – 0.50) (0.22 – 0.52)	0.69 (0.57 – 0.91) (0.55 – 0.86)	0.41 (0.16 – 0.82) (0.13 – 0.74)
LABD	0.03 (0.01 – 0.07) (0.01 – 0.06)	0.09 (0.07 – 0.11) (0.08 – 0.11)	0.13 (0.11 – 0.15) (0.11 – 0.14)	0.22 (0.07 – 0.51) (0.05 – 0.41)
CASA	0.15 (0.04 – 0.41) (0.02 – 0.30)	0.32 (0.19 – 0.38) (0.23 – 0.39)	0.47 (0.41 – 0.59) (0.39 – 0.55)	0.30 (0.11 – 0.67) (0.06 – 0.55)
LASA	0.02 (0.01 – 0.06) (0.005 – 0.05)	0.06 (0.04 – 0.08) (0.05 – 0.08)	0.09 (0.08 – 0.11) (0.08 – 0.10)	0.26 (0.09 – 0.59) (0.06 – 0.46)
CTORAX	0.09 (0.02 – 0.24) (0.01 – 0.18)	0.18 (0.11 – 0.22) (0.14 – 0.23)	0.28 (0.24 – 0.36) (0.23 – 0.33)	0.30 (0.11 – 0.69) (0.07 – 0.54)
LTORAX	0.05 (0.01 – 0.13) (0.01 – 0.10)	0.10 (0.06 – 0.12) (0.07 – 0.12)	0.15 (0.13 – 0.19) (0.12 – 0.17)	0.30 (0.12 – 0.67) (0.09 – 0.58)
HTORAX	0.03 (0.01 – 0.09) (0.01 – 0.06)	0.06 (0.03 – 0.07) (0.04 – 0.08)	0.09 (0.08 – 0.12) (0.08 – 0.11)	0.32 (0.11 – 0.74) (0.07 – 0.59)

* Intervalo de credibilidade ao nível de 90%

** Região de alta densidade ao nível de 90%

Tabela 2 - Estimativas de **variância genética aditiva** (σ_a^2), residual (σ_e^2), fenotípica (σ_y^2) e heritabilidade (h^2) em análise unicaraterística, com seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, para peso corporal (PESO), comprimento corporal total (CTOTAL), comprimento (CABD) e largura (LABD) do abdômen, comprimento (CASA) e largura (LASA) da asa anterior direita, comprimento (CTORAX) e largura (LTORAX) do tórax, de zângãos africanizados *Apis mellifera*, à **emergência**, considerando o coeficiente de parentesco de **0.75**.

Variáveis	Estimativas			
	σ_a^2	σ_e^2	σ_y^2	h^2
PESO	402.71 (158.86 – 649.48)* (158.49 – 649.29)**	153.14 (32.39 – 279.29) (18.87 – 260.77)	555.85 (431.90 – 691.89) (438.30 – 695.14)	0.69 (0.36 – 0.95) (0.42 – 0.98)
CTOTAL	0.29 (0.09 – 0.73) (0.07 – 0.61)	0.42 (0.19 – 0.54) (0.26 – 0.56)	0.72 (0.61 – 0.94) (0.59 – 0.89)	0.38 (0.15 – 0.79) (0.12 – 0.70)
CABD	0.23 (0.07 – 0.65) (0.05 – 0.52)	0.42 (0.19 – 0.52) (0.26 – 0.53)	0.65 (0.56 – 0.87) (0.54 – 0.80)	0.32 (0.12 – 0.76) (0.09 – 0.65)
LABD	0.02 (0.01 – 0.05) (0.01 – 0.04)	0.10 (0.08 – 0.11) (0.08 – 0.11)	0.12 (0.11 – 0.14) (0.11 – 0.14)	0.19 (0.07 – 0.39) (0.06 – 0.35)
CASA	0.11 (0.03 – 0.28) (0.02 – 0.20)	0.34 (0.25 – 0.39) (0.28 – 0.40)	0.45 (0.40 – 0.54) (0.38 – 0.50)	0.23 (0.09 – 0.52) (0.05 – 0.40)
LASA	0.02 (0.01 – 0.05) (0.00 – 0.03)	0.07 (0.05 – 0.08) (0.06 – 0.08)	0.09 (0.08 – 0.11) (0.08 – 0.10)	0.21 (0.08 – 0.47) (0.05 – 0.37)
CTORAX	0.07 (0.02 – 0.19) (0.01 – 0.13)	0.19 (0.13 – 0.22) (0.15 – 0.23)	0.27 (0.23 – 0.33) (0.23 – 0.31)	0.25 (0.09 – 0.57) (0.07 – 0.46)
LTORAX	0.04 (0.01 – 0.10) (0.01 – 0.08)	0.10 (0.07 – 0.12) (0.08 – 0.12)	0.14 (0.13 – 0.18) (0.12 – 0.16)	0.25 (0.09 – 0.61) (0.07 – 0.48)
HTORAX	0.02 (0.01 – 0.06) (0.00 – 0.05)	0.06 (0.04 – 0.07) (0.05 – 0.08)	0.09 (0.08 – 0.11) (0.07 – 0.10)	0.26 (0.09 – 0.62) (0.07 – 0.51)

* Intervalo de credibilidade ao nível de 90%

** Região de alta densidade ao nível de 90%

Tabela 3 - Estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2), fenotípica (σ_y^2) e heritabilidade (h^2) em análise unicaraterística, com seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, para peso corporal (PESO₁), comprimento corporal total (CTOTAL₁), comprimento (CABD₁) e largura (LABD₁) do abdômen, comprimento (CASA₁) e largura (LASA₁) da asa anterior direita, comprimento (CTORAX₁) e largura (LTORAX₁) do tórax, de zângãos africanizados de *Apis mellifera*, à maturidade, considerando o coeficiente de parentesco de **0.50**.

Variáveis	Estimativas			
	σ_a^2	σ_e^2	σ_y^2	h^2
PESO₁	199.83 (49.90 – 438.73)* (34.11 – 400.28)**	155.48 (42.08 – 241.06) (49.26 – 245.12)	355.32 (269.15 – 484.38) (254.19 – 466.41)	0.52 (0.18 – 0.90) (0.17 – 0.90)
CTOTAL₁	0.58 (0.10 – 1.36) (0.08 – 1.29)	0.47 (0.07 – 0.76) (0.06 – 0.73)	1.05 (0.78 – 1.47) (0.78 – 1.44)	0.49 (0.12 – 0.94) (0.14 – 0.95)
CABD₁	0.37 (0.06 – 0.77) (0.04 – 0.71)	0.23 (0.04 – 0.39) (0.03 – 0.39)	0.60 (0.43 – 0.83) (0.42 – 0.80)	0.56 (0.14 – 0.95) (0.18 – 0.97)
LABD₁	0.12 (0.02 – 0.36) (0.01 – 0.31)	0.16 (0.04 – 0.22) (0.05 – 0.23)	0.28 (0.22 – 0.41) (0.21 – 0.37)	0.38 (0.09 – 0.90) (0.07 – 0.84)
CASA₁	1.36 (1.12 – 1.60) (1.15 – 1.61)	0.08 (0.03 – 0.18) (0.03 – 0.15)	1.45 (1.26 – 1.67) (1.26 – 1.67)	0.93 (0.87 – 0.97) (0.88 – 0.98)
LASA₁	0.42 (0.35 – 0.50) (0.34 – 0.49)	0.03 (0.01 – 0.06) (0.01 – 0.05)	0.45 (0.39 – 0.52) (0.39 – 0.51)	0.92 (0.85 – 0.97) (0.87 – 0.97)
CTORAX₁	0.12 (0.02 – 0.41) (0.01 – 0.33)	0.18 (0.04 – 0.25) (0.07 – 0.27)	0.31 (0.24 – 0.45) (0.22 – 0.41)	0.36 (0.08 – 0.90) (0.04 – 0.81)
LTORAX₁	0.09 (0.01 – 0.19) (0.01 – 0.18)	0.05 (0.01 – 0.10) (0.01 – 0.09)	0.15 (0.11 – 0.20) (0.10 – 0.20)	0.58 (0.15 – 0.94) (0.21 – 0.97)

* Intervalo de credibilidade ao nível de 90%

** Região de alta densidade ao nível de 90%

Tabela 4 - Estimativas de **variância genética aditiva** (σ_a^2), residual (σ_e^2), fenotípica (σ_y^2) e heritabilidade (h^2) em análise unicaraterística, com seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, para peso corporal (PESO₁), comprimento corporal total (CTOTAL₁), comprimento (CABD₁) e largura (LABD₁) do abdômen, comprimento (CASA₁) e largura (LASA₁) da asa anterior direita, comprimento (CTORAX₁) e largura (LTORAX₁) do tórax, de zângãos africanizados *Apis mellifera*, à **maturidade**, considerando o coeficiente de parentesco de **0.75**.

Variáveis	Estimativas			
	σ_a^2	σ_e^2	σ_y^2	h^2
PESO₁	167.78 (44.68 – 380.97)* (34.01 – 340.85)**	171.33 (55.63 – 246.67) (59.24 – 248.99)	339.11 (267.23 – 448.71) (259.42 – 436.69)	0.46 (0.15 – 0.86) (0.15 – 0.85)
CTOTAL₁	0.44 (0.09 – 1.27) (0.05 – 1.12)	0.55 (0.11 – 0.78) (0.19 – 0.83)	1.00 (0.77 – 1.43) (0.73 – 1.33)	0.39 (0.11 – 0.91) (0.09 – 0.86)
CABD₁	0.32 (0.08 – 0.75) (0.06 – 0.70)	0.25 (0.05 – 0.39) (0.05 – 0.39)	0.58 (0.43 – 0.80) (0.42 – 0.77)	0.51 (0.17 – 0.92) (0.16 – 0.92)
LABD₁	0.11 (0.02 – 0.37) (0.01 – 0.30)	0.17 (0.04 – 0.23) (0.06 – 0.25)	0.28 (0.22 – 0.40) (0.21 – 0.38)	0.34 (0.08 – 0.90) (0.05 – 0.81)
CASA₁	1.30 (1.08 – 1.52) (1.09 – 1.52)	0.09 (0.03 – 0.18) (0.02 – 0.16)	1.40 (1.22 – 1.60) (1.21 – 1.60)	0.93 (0.85 – 0.97) (0.88 – 0.98)
LASA₁	0.41 (0.33 – 0.48) (0.33 – 0.48)	0.03 (0.01 – 0.07) (0.01 – 0.05)	0.44 (0.38 – 0.51) (0.38 – 0.51)	0.92 (0.83 – 0.97) (0.85 – 0.98)
CTORAX₁	0.11 (0.02 – 0.38) (0.01 – 0.29)	0.19 (0.05 – 0.25) (0.09 – 0.26)	0.30 (0.24 – 0.44) (0.22 – 0.40)	0.33 (0.08 – 0.87) (0.05 – 0.75)
LTORAX₁	0.08 (0.01 – 0.19) (0.01 – 0.17)	0.05 (0.01 – 0.09) (0.01 – 0.09)	0.14 (0.10 – 0.20) (0.10 – 0.19)	0.55 (0.14 – 0.94) (0.16 – 0.95)

* Intervalo de credibilidade ao nível de 90%

** Região de alta densidade ao nível de 90%

Tabela 5. Proporção da variância genética aditiva na variância fenotípica total considerando os coeficientes de parentesco de 0.50 e 0.75 entre zângãos irmãos.

Caraterísticas	Proporção da variância genética aditiva na variância fenotípica total (%)	
	0.50	0.75
PESO	80.14	72.45
CTOTAL	47.37	40.28
CABD	43.48	35.38
LABD	23.07	16.67
CASA	31.91	24.44
LASA	22.22	22.22
CTORAX	32.14	25.93
LTORAX	33.33	28.57
HTORAX	33.33	22.22
PESO ₁	56.24	49.48
CTOTAL ₁	55.24	44
CABD ₁	61.67	55.17
LABD ₁	42.86	39.29
CASA ₁	93.79	92.86
LASA ₁	93.33	93.18
CTORAX ₁	38.71	36.67
LTORAX ₁	60	57.14

Entre as Tabelas 1 e 2, e 3 e 4, onde o fator de variação entre estimativas se deve ao coeficiente de parentesco de 0.50 para 0.75, quando considerada a diferença entre a proporção da variância genética aditiva na variância fenotípica total observa-se que com o parentesco de 0.50 esta proporção é maior em todas as estimativas (Tabela 5). Pode admitir-se que a utilização destes parentescos entre irmãos não origina grande variação entre as estimativas, o mesmo acontecendo para os intervalos de credibilidade e região de alta densidade.

Os valores observados neste trabalho sugerem que as caraterísticas “peso à emergência”, “peso”, “comprimento total”, “comprimento do abdómen”, “comprimento e largura da asa” e “largura do tórax” à maturidade, quando avaliadas separadamente podem ser utilizadas como critérios de seleção, em programas de melhoramento genético com colónias de *Apis mellifera* africanizada, visto que a proporção da variância genética aditiva foi responsável por mais de 50% da variância fenotípica total (Tabela 5). Relativamente às estimativas de heritabilidade das caraterísticas medidas à emergência, os valores com maior magnitude que foram observados foram os de 0.69 e 0.78 para o peso, considerando os coeficientes de parentesco de 0.50 e 0.75,

respetivamente. Para as caraterísticas à maturidade, as estimativas de heritabilidade que tomaram maior valor foram o comprimento (0.93) e a largura (0.92) da asa, respetivamente para os coeficientes de parentesco de 0.50 e 0.75. A heritabilidade representa a proporção da variância fenotípica que é de natureza genética aditiva (Pereira, 2012). Desta forma, a expressão das caraterísticas supracitadas possivelmente está associada a uma maior magnitude de genética aditiva (o efeito médio de cada alelo que contribui na formação do fenótipo) e não tanto a influências por circunstâncias ambientais ou por impacto de genética não aditiva (ação génica dominante e ação génica epistática ou de interação).

Por norma, em programas de melhoramento genético animal, são consideradas várias caraterísticas simultaneamente. Assim sendo, deve incidir especial atenção sobre o efeito das correlações genéticas, uma vez que a correlação fenotípica diretamente observável na população não expressa devidamente a magnitude das suas componentes genética e ambiental. Já as estimativas de correlações genéticas permitem verificar a probabilidade de duas caraterísticas diferentes serem afetadas pelos mesmos genes (Pereira, 2012). Como consequência da correlação genética, se duas caraterísticas economicamente importantes mostram uma correlação altamente positiva, a seleção deverá ser feita com foco numa delas para melhorar as duas, reduzindo desta forma o número de caraterísticas a serem selecionadas.

Foram realizadas análises multivariadas (bicarater) entre caraterísticas à emergência, entre caraterísticas à maturidade e entre o peso à emergência e à maturidade. Em qualquer dos casos, considerando os coeficientes de parentesco de 0.50 e 0.75 entre zângãos irmãos. As estimativas de correlações fenotípicas, correlações genéticas e heritabilidades são apresentadas nas Tabelas 6, 7, 8, 9, 10, respetivamente.

Nas análises bicarater algumas cadeias não indicaram convergência, tendo sido assinaladas com a notação “nc” (não convergência).

Tabela 6. Estimativas de correlação fenotípica ($r_{y_{1,2}}$), para peso (PESO), comprimento total (CTOTAL), comprimento (CABD) e largura de abdômen (LABD), comprimento (CASA) e largura de asa (LASA) anterior direita, comprimento (CTORAX), largura (LTORAX) e altura de tórax (HTORAX) de zângãos africanizados *Apis mellifera* à **emergência, obtidas em análise bicarater com seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, considerando os coeficientes de parentesco de 0.50 (acima da diagonal) e de 0.75 (abaixo da diagonal) entre zângãos irmãos.**

$r_{y_{1,2}}$	PESO	CTOTAL	CABD	LABD	CASA	LASA	CTORAX	LTORAX	HTORAX	PESO ₁
PESO		0.54 (0.47 – 0.61) (0.48 – 0.61)	0.49 (0.42 – 0.55) (0.42 – 0.56)	0.37 (0.23 – 0.47) (0.25 – 0.48)	0.36 (0.22 – 0.48) (0.23 – 0.49)	0.22 (0.13 – 0.31) (0.13 – 0.30)	0.16 (0.01 – 0.32) (0.00 – 0.30)	0.14 (-0.01 – 0.31) (-0.02 – 0.29)	0.40 (0.27 – 0.50) (0.29 – 0.52)	0.58 (0.44 – 0.69) (0.45 – 0.70)
CTOTAL	0.54 (0.47 – 0.61)* (0.48 – 0.61)**		0.67 (0.61 – 0.75) (0.61 – 0.75)	0.38 (0.22 – 0.51) (0.26 – 0.53)	0.37 (0.26 – 0.48) (0.27 – 0.48)	0.38 (0.25 – 0.52) (0.26 – 0.53)	0.45 (0.29 – 0.59) (0.32 – 0.61)	0.47 (0.47 – 0.09) (0.32 – 0.61)	0.45 (0.33 – 0.57) (0.35 – 0.58)	
CABD	0.49 (0.42 – 0.56) (0.42 – 0.56)	0.66 (0.60 – 0.74) (0.60 – 0.73)		0.41 (0.30 – 0.54) (0.31 – 0.56)	0.26 (0.12 – 0.41) (0.13 – 0.42)	0.28 (0.11 – 0.42) (0.13 – 0.44)	0.43 (0.12 – 0.32) (0.29 – 0.60)	0.40 (0.23 – 0.57) (0.25 – 0.58)	0.42 (0.31 – 0.55) (0.31 – 0.55)	
LABD	0.39 (0.25 – 0.49) (0.26 – 0.50)	0.38 (0.25 – 0.50) (0.27 – 0.52)	0.40 (0.29 – 0.53) (0.30 – 0.53)		0.23 (0.08 – 0.40) (0.09 – 0.41)	0.22 (0.09 – 0.39) (0.08 – 0.38)	0.30 (0.13 – 0.45) (0.14 – 0.46)	0.32 (0.18 – 0.49) (0.20 – 0.51)	0.36 (0.21 – 0.51) (0.21 – 0.51)	
CASA	0.36 (0.21 – 0.48) (0.24 – 0.50)	0.35 (0.25 – 0.48) (0.24 – 0.47)	0.54 (-0.08 – 0.91) (0.07 – 0.94)	0.22 (0.09 – 0.37) (0.09 – 0.37)		0.23 (0.15 – 0.32) (0.15 – 0.32)	0.27 (0.13 – 0.42) (0.16 – 0.44)	0.31 (0.18 – 0.47) (0.20 – 0.49)	0.23 (0.23 – 0.09) (0.11 – 0.39)	
LASA	0.19 (0.00 – 0.37) (0.01 – 0.38)	0.38 (0.27 – 0.53) (0.28 – 0.54)	0.28 (0.14 – 0.40) (0.15 – 0.41)	0.20 (0.08 – 0.35) (0.08 – 0.35)	0.23 (0.09 – 0.40) (0.11 – 0.42)		0.37 (0.24 – 0.53) (0.26 – 0.54)	0.37 (0.26 – 0.52) (0.28 – 0.53)	0.27 (0.10 – 0.43) (0.11 – 0.44)	
CTORAX	0.10 (-0.03 – 0.26) (-0.04 – 0.24)	0.31 (0.31 – 0.58) (0.31 – 0.58)	0.43 (0.27 – 0.58) (0.31 – 0.62)	0.31 (0.16 – 0.44) (0.17 – 0.44)	0.25 (0.13 – 0.42) (0.12 – 0.40)	0.36 (0.24 – 0.49) (0.24 – 0.49)		0.53 (0.41 – 0.66) (0.43 – 0.67)	0.45 (0.32 – 0.59) (0.34 – 0.60)	
LTORAX	0.14 (-0.02 – 0.31) (-0.03 – 0.29)	0.46 (0.32 – 0.60) (0.32 – 0.60)	0.40 (0.24 – 0.54) (0.25 – 0.54)	0.30 (0.15 – 0.45) (0.20 – 0.48)	0.29 (0.18 – 0.45) (0.17 – 0.43)	0.34 (0.25 – 0.49) (0.25 – 0.49)	0.52 (0.40 – 0.63) (0.43 – 0.65)		0.37 (0.20 – 0.54) (0.21 – 0.54)	
HTORAX	0.68 (0.14 – 0.92) (0.33 – 0.96)	0.43 (0.33 – 0.57) (0.33 – 0.57)	0.40 (0.29 – 0.55) (0.29 – 0.55)	0.37 (0.24 – 0.52) (0.27 – 0.55)	0.20 (0.09 – 0.36) (0.08 – 0.34)	0.27 (0.14 – 0.41) (0.13 – 0.40)	0.45 (0.34 – 0.58) (0.34 – 0.58)	0.37 (0.19 – 0.51) (0.18 – 0.50)		
PESO₁	0.57 (0.41 – 0.69) (0.44 – 0.70)									

* Intervalo de credibilidade ao nível de 90%

** Região de alta densidade ao nível de 90%

Tabela 7. Estimativas de correlação fenotípica ($r_{y_{1,2}}$), para peso (PES01), comprimento total (CTOTAL1), comprimento (CABD1) e largura de abdômen (LABD1), comprimento (CASA1) e largura de asa (LASA1) anterior direita, comprimento (CTORAX1), largura (LTORAX1) e altura de tórax (HTORAX1) de zângãos africanizados *Apis mellifera* à maturidade, obtidas em análise bicaráter com seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, considerando os coeficientes de parentesco de 0.50 (acima da diagonal) e de 0.75 (abaixo da diagonal) entre zângãos irmãos.

$r_{y_{1,2}}$	PES01	CTOTAL1	CABD1	LABD1	CASA1	LASA1	CTORAX1	LTORAX1
PES01		0.28 (0.04 – 0.47) (0.04 – 0.47)	0.20 (-0.02 – 0.42) (-2.29 – 4.47)	0.16 (-0.08 – 0.37) (-0.08 – 0.37)	0.17 (0.03 – 0.30) (0.04 – 0.31)	0.15 (0.03 – 0.27) (0.02 – 0.26)	0.27 (0.07 – 0.47) (0.08 – 0.47)	0.23 (0.04 – 0.44) (0.03 – 0.43)
CTOTAL1	0.25 (0.01 – 0.46)* (0.03 – 0.48)**		0.54 (0.25 – 0.66) (0.38 – 0.68)	0.19 (-0.07 – 0.39) (-0.01 – 0.43)	0.19 (0.06 – 0.32) (0.07 – 0.34)	0.04 (-0.09 – 0.18) (-0.09 – 0.18)	0.27 (0.00 – 0.47) (0.06 – 0.50)	0.42 (0.19 – 0.60) (0.21 – 0.61)
CABD1	0.19 (-0.03 – 0.41) (-0.04 – 0.40)	0.52 (0.33 – 0.66) (0.37 – 0.68)		0.11 (-0.17 – 0.29) (-0.11 – 0.32)	0.24 (0.10 – 0.36) (0.09 – 0.35)	-0.04 (-0.17 – 0.10) (-0.19 – 0.07)	0.31 (0.07 – 0.49) (0.13 – 0.51)	0.50 (0.29 – 0.63) (0.34 – 0.65)
LABD1	0.15 (-0.10 – 0.37) (-0.11 – 0.36)	0.19 (-0.07 – 0.40) (-0.04 – 0.41)	0.10 (-0.16 – 0.29) (-0.12 – 0.31)		-0.21 (-0.34 – -0.08) (-0.33 – -0.07)	0.15 (0.02 – 0.28) (0.03 – 0.28)	0.22 (-0.05 – 0.42) (0.00 – 0.46)	0.32 (0.06 – 0.50) (0.11 – 0.53)
CASA1	0.17 (0.03 – 0.29) (0.03 – 0.29)	0.18 (0.05 – 0.31) (0.03 – 0.29)	0.23 (0.09 – 0.35) (0.11 – 0.37)	-0.21 (-0.34 – -0.09) (-0.33 – -0.08)		0.09 (-0.01 – 0.19) (-0.01 – 0.18)	0.07 (-0.08 – 0.21) (-0.07 – 0.22)	0.27 (0.14 – 0.40) (0.14 – 0.40)
LASA1	0.15 (0.03 – 3.49) (0.02 – 0.26)	0.04 (-0.08 – 0.17) (-0.09 – 0.16)	-0.03 (-0.16 – 0.10) (-0.17 – 0.09)	0.15 (0.02 – 0.27) (0.02 – 0.27)	0.09 (-0.01 – 0.18) (-0.01 – 0.19)		0.01 (-0.12 – 0.14) (-0.12 – 0.13)	0.07 (-0.06 – 0.20) (-0.07 – 0.19)
CTORAX1	0.27 (0.06 – 0.47) (0.07 – 0.48)	0.27 (0.01 – 0.46) (0.04 – 0.47)	0.30 (0.07 – 0.48) (0.10 – 0.49)	0.22 (-0.04 – 0.43) (0.00 – 0.45)	0.06 (-0.09 – 0.20) (-0.09 – 0.20)	0.02 (-0.10 – 0.14) (-0.10 – 0.14)		0.40 (0.18 – 0.57) (0.23 – 0.60)
LTORAX1	0.21 (0.05 – 0.42) (0.04 – 0.40)	0.41 (0.17 – 0.59) (0.22 – 0.63)	0.49 (0.28 – 0.62) (0.34 – 0.65)	0.32 (0.07 – 0.50) (0.11 – 0.52)	0.27 (0.14 – 0.39) (0.15 – 0.41)	0.07 (-0.06 – 0.22) (-0.06 – 0.20)	0.39 (0.17 – 0.57) (0.21 – 0.60)	

* Intervalo de credibilidade ao nível de 90%

** Região de alta densidade ao nível de 90%

Nas Tabelas 6 e 7 observa-se que as correlações fenotípicas foram positivas para todas as características à emergência. No caso das obtidas à maturidade, o comprimento e largura da asa apresentaram correlações negativas, de baixa magnitude, com a largura do abdómen (Tabelas 6 e 7). Não foram evidenciadas diferenças expressivas nas estimativas considerando os dois parentescos.

Foi verificada uma fraca associação direta entre as características de comprimento total e largura da asa (0.04), comprimento do abdómen e largura da asa (-0.03), comprimento e largura da asa (0.09), largura da asa e comprimento do tórax (0.02) e largura da asa e largura do tórax (0.07) à maturidade. Contudo a estimativa de correlação fenotípica para peso com o comprimento total à emergência foi de magnitude moderada e positiva (0.54), para os dois coeficientes de parentesco considerados, sugerindo que zângãos mais pesados tendem a ser zângãos maiores em comprimento total do corpo e esta estimativa está em linha com os resultados de outros autores (Berg *et al.*, 1997; Schluns, *et al.*, 2003).

A estimativa de correlação fenotípica encontrada entre o comprimento da asa e a largura do abdómen à maturidade foi de -0.21 para ambos os coeficientes de parentesco (Tabela 7). Contudo, pela observação da Tabela 8, que mostra as estimativas das correlações genéticas para estas características (0.15 e 0.14 para os coeficientes de parentesco de 0.50 e 0.75, respetivamente), parece razoável considerar que se se considerasse um programa de melhoramento tomando uma delas como critério de seleção, a outra não sofreria efeito negativo, como sugerido pelas correlações fenotípicas.

Tabela 8. Estimativas de **correlação genética** ($r_{g_{1,2}}$), para peso (PESO), comprimento total (CTOTAL), comprimento (CABD) e largura de abdômen (LABD), comprimento (CASA) e largura de asa (LASA), comprimento (CTORAX), largura (LTORAX) e altura de tórax (HTORAX) de zângãos africanizados *Apis mellifera* à **emergência**, obtidas em análise bicaráter com seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, considerando os coeficientes de parentesco de 0.50 (acima da diagonal) e de 0.75 (abaixo da diagonal) entre zângãos irmãos.

$r_{g_{1,2}}$	PESO	CTOTAL	CABD	LABD	CASA	LASA	CTORAX	LTORAX	HTORAX	PESO ₁
PESO		0.80 (0.59 – 0.92) (0.66 – 0.94)	0.83 (0.64 – 0.93) (0.70 – 0.96)	0.57 (-0.07 – 0.89) (0.09 – 0.92)	0.56 (-0.05 – 0.89) (0.11 – 0.93)	0.44 (-0.01 – 0.74) (0.12 – 0.81)	-0.03 nc (-0.57 – 0.58) (-0.60 – 0.54)	-0.02 nc (-0.57 – 0.60) (-0.63 – 0.53)	0.68 (0.22 – 0.91) (0.34 – 0.95)	0.69 (0.23 – 0.93) (0.37 – 0.97)
CTOTAL	0.81 (0.59 – 0.93)* (0.65 – 0.95)**		0.90 (0.71 – 0.98) (0.79 – 0.99)	0.56 (-0.11 – 0.89) (0.09 – 0.94)	0.88 (0.68 – 0.98) (0.76 – 0.99)	0.63 (0.03 – 0.93) (0.20 – 0.97)	0.53 (-0.18 – 0.92) (0.02 – 0.96)	0.54 (0.32 – 0.61) (0.34 – 0.63)	0.75 (0.29 – 0.95) (0.46 – 0.97)	
CABD	0.83 (0.63 – 0.94) (0.68 – 0.96)	0.89 (0.68 – 0.98) (0.77 – 0.99)		0.63 (0.01 – 0.93) (0.19 – 0.97)	0.61 (-0.01 – 0.92) (0.21 – 0.96)	0.31 (-0.46 – 0.85) (-0.31 – 0.92)	0.43 (-0.35 – 0.90) (-0.19 – 0.94)	0.35 (-0.40 – 0.88) (-0.26 – 0.95)	0.70 (0.16 – 0.94) (0.34 – 0.97)	
LABD	0.65 (0.01 – 0.92) (0.23 – 0.98)	0.58 (-0.10 – 0.91) (0.17 – 0.95)	0.60 (-0.05 – 0.94) (0.16 – 0.96)		0.33 (-0.46 – 0.85) (-0.29 – 0.93)	0.45 (-0.35 – 0.90) (-0.10 – 0.95)	0.15 nc (-0.60 – 0.81) (-0.56 – 0.84)	0.45 (-0.35 – 0.90) (-0.13 – 0.95)	0.39 (-0.38 – 0.89) (-0.21 – 0.94)	
CASA	0.58 (-0.05 – 0.90) (0.10 – 0.95)	0.86 (0.62 – 0.97) (0.62 – 0.97)	0.54 (-0.08 – 0.91) (0.07 – 0.94)	0.31 (-0.50 – 0.86) (-0.25 – 0.93)		0.45 (-0.13 – 0.85) (-0.01 – 0.90)	0.55 (-0.14 – 0.91) (0.08 – 0.96)	0.53 (-0.19 – 0.92) (0.03 – 0.96)	0.64 (0.08 – 0.93) (0.26 – 0.96)	
LASA	0.41 (-0.08 – 0.76) (0.00 – 0.82)	0.63 (0.05 – 0.94) (0.24 – 0.98)	0.32 (-0.42 – 0.83) (-0.28 – 0.88)	0.36 (-0.40 – 0.88) (-0.21 – 0.95)	0.34 (-0.47 – 0.88) (-0.23 – 0.96)		0.52 (-0.20 – 0.92) (0.01 – 0.97)	0.67 (0.08 – 0.95) (0.29 – 0.97)	0.30 (-0.49 – 0.86) (-0.34 – 0.92)	
CTORAX	-0.31 (-0.75 – 0.38) (-0.83 – 0.22)	0.51 (-0.20 – 0.91) (0.00 – 0.96)	0.43 (-0.40 – 0.90) (-0.21 – 0.95)	0.19 nc (-0.58 – 0.81) (-0.48 – 0.87)	0.48 (-0.21 – 0.91) (-0.04 – 0.95)	0.46 (-0.27 – 0.89) (-0.06 – 0.96)		0.60 (-0.05 – 0.94) (0.11 – 0.96)	0.56 (-0.17 – 0.93) (0.04 – 0.97)	
LTORAX	-0.04 nc*** (-0.63 – 0.64) (-0.65 – 0.62)	0.50 (-0.23 – 0.91) (-0.04 – 0.96)	0.33 (-0.45 – 0.86) (-0.30 – 0.94)	0.37 (-0.46 – 0.89) (-0.23 – 0.95)	0.48 (-0.24 – 0.90) (0.00 – 0.97)	0.59 (-0.03 – 0.93) (0.18 – 0.97)	0.56 (-0.14 – 0.92) (0.08 – 0.97)		0.32 (-0.50 – 0.88) (-0.32 – 0.95)	
HTORAX	0.68 (0.14 – 0.92) (0.33 – 0.96)	0.71 (0.22 – 0.95) (0.37 – 0.97)	0.64 (0.13 – 0.94) (0.24 – 0.96)	0.52 (-0.21 – 0.92) (0.00 – 0.96)	0.56 (-0.09 – 0.91) (0.11 – 0.96)	0.29 (-0.47 – 0.85) (-0.47 – 0.85)	0.54 (-0.08 – 0.92) (0.06 – 0.97)	0.28 (-0.53 – 0.87) (-0.35 – 0.94)		
PESO₁	0.67 (0.14 – 0.93) (0.31 – 0.97)									

* Intervalo de credibilidade ao nível de 90%

** Região de alta densidade ao nível de 90%

*** nc (não convergência)

Tabela 9. Estimativas de **correlação genética** ($r_{g_{1,2}}$), para peso (PESO₁), comprimento total (CTOTAL₁), comprimento (CABD₁) e largura de abdômen (LABD₁), comprimento (CASA₁) e largura de asa (LASA₁), comprimento (CTORAX₁), largura (LTORAX₁) e altura de tórax (HTORAX₁) de zângãos africanizados *Apis mellifera* à **maturidade**, obtidas em análise bicaráter com seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, considerando os coeficientes de parentesco de 0.50 (acima da diagonal) e de 0.75 (abaixo da diagonal) entre zângãos irmãos.

$r_{g_{1,2}}$	PESO ₁	CTOTAL ₁	CABD ₁	LABD ₁	CASA ₁	LASA ₁	CTORAX ₁	LTORAX ₁
PESO₁		0.40 (-0.48 - 0.90) (-0.32 - 0.94)	0.13 nc*** (-0.62 - 0.83) (-0.54 - 0.87)	0.23 nc (-0.63 - 0.86) (-0.50 - 0.93)	0.02 nc (-0.45 - 0.40) (-0.44 - 0.40)	0.15 (-0.22 - 0.55) (-0.16 - 0.59)	0.21 (-0.63 - 0.86) (-0.55 - 0.90)	-0.06 nc (-0.71 - 0.69) (-0.77 - 0.60)
CTOTAL₁	0.32 (-0.59 - 0.89)* (-0.45 - 0.95)**		0.74 (0.01 - 0.96) (0.30 - 0.98)	0.43 (-0.60 - 0.92) (-0.33 - 0.96)	0.13 nc (-0.38 - 0.63) (-0.34 - 0.65)	- 0.13 nc (-0.60 - 0.29) (-0.65 - 0.24)	0.49 (-0.56 - 0.94) (-0.33 - 0.97)	0.52 (-0.39 - 0.94) (-0.20 - 0.98)
CABD₁	0.10 (-0.66 - 0.82) (-0.62 - 0.85)	0.73 (-0.02 - 0.97) (0.24 - 0.99)		0.45 (-0.50 - 0.91) (-0.29 - 0.94)	0.28 (-0.16 - 0.71) (-0.13 - 0.72)	-0.25 (-0.66 - 0.16) (-0.72 - 0.08)	-0.56 (-0.38 - 0.94) (-0.11 - 0.97)	0.73 (0.07 - 0.96) (0.30 - 0.98)
LABD₁	0.17 (-0.70 - 0.87) (-0.63 - 0.91)	0.42 nc (-0.58 - 0.92) (-0.39 - 0.97)	0.45 (-0.60 - 0.90) (-0.36 - 0.94)		0.15 nc (-0.39 - 0.68) (-0.43 - 0.64)	-0.01 nc (-0.55 - 0.48) (-0.48 - 0.53)	0.39 (-0.66 - 0.92) (-0.48 - 0.97)	0.48 (-0.51 - 0.93) (-0.28 - 0.96)
CASA₁	0.01 (-0.48 - 0.37) (-0.46 - 0.39)	0.07 nc (-0.45 - 0.54) (0.07 - 0.32)	0.25 (-0.23 - 0.69) (-0.18 - 0.72)	0.14 nc (-0.41 - 0.67) (-0.38 - 0.68)		0.10 (-0.02 - 0.24) (-0.03 - 0.23)	0.17 nc (-0.44 - 0.72) (-0.35 - 0.80)	0.40 nc (-0.03 - 0.80) (0.03 - 0.83)
LASA₁	0.15 (-0.26 - 0.55) (-0.24 - 0.56)	- 0.16 nc (-0.62 - 0.30) (-0.62 - 0.30)	-0.25 (-0.67 - 0.16) (-0.71 - 0.12)	-0.02 nc (-0.55 - 0.49) (-0.57 - 0.45)	0.10 (-0.03 - 0.25) (-0.04 - 0.23)		-0.18 nc (-0.68 - 0.32) (-0.67 - 0.31)	-0.15 nc (-0.61 - 0.24) (-0.59 - 0.25)
CTORAX₁	0.18 (-0.64 - 0.87) (-0.58 - 0.93)	0.46 (-0.60 - 0.93) (-0.60 - 0.93)	0.53 (-0.46 - 0.94) (-0.15 - 0.97)	0.39 nc (-0.66 - 0.93) (-0.45 - 0.96)	0.13 nc (-0.46 - 0.67) (-0.35 - 0.69)	-0.18 (-0.66 - 0.35) (-0.72 - 0.26)		0.56 (-0.39 - 0.94) (-0.16 - 0.97)
LTORAX₁	-0.12 nc (-0.73 - 0.65) (-0.76 - 0.60)	0.47 (-0.48 - 0.94) (-0.30 - 0.97)	0.71 (-0.08 - 0.96) (0.25 - 0.98)	0.49 (-0.51 - 0.93) (-0.29 - 0.97)	0.41 (-0.03 - 0.79) (0.05 - 0.84)	-0.17 (-0.65 - 0.26) (-0.65 - 0.26)	0.52 (-0.42 - 0.94) (-0.14 - 0.97)	

* Intervalo de credibilidade ao nível de 90%

** Região de alta densidade ao nível de 90%

*** nc (não convergência)

As correlações genéticas (Tabela 8 e 9) foram positivas para a maioria das características, todavia as correlações genéticas entre peso e comprimento e largura do tórax foram negativas para ambos os parentescos à emergência. Não foram verificadas diferenças significantes para as estimativas de correlação genética entre os parentescos, não sendo possível identificar um padrão claro de superioridade das magnitudes e/ou intervalos de credibilidade e região de alta densidade.

As estimativas de correlações genéticas entre as características peso, comprimento total, comprimento e largura do abdómen foram, para a maior parte dos casos, maiores que as estimativas fenotípicas correspondentes à emergência e maturidade, o mesmo não se verifica para as características de asa e tórax.

O peso à emergência quando associado às medidas de comprimento total, abdómen, asa e altura do tórax apresentou correlações genéticas de magnitudes médias a altas, contudo quando associado ao comprimento e largura do tórax as estimativas são de baixa magnitude. As altas correlações genéticas para peso à emergência, para os parentescos 0.50 e 0.75 respetivamente, com o comprimento total (0.80 e 0.81), comprimento do abdómen (0.83 para ambos os parentescos), largura do abdómen (0.65 e 0.57), comprimento da asa (0.58 e 0.56) e altura do tórax (0.68 para ambos) são verificadas na Tabela 8. Estas estimativas indicam que a seleção de zângãos com maior peso à emergência pode ocasionar aumento nestas características. Fisiologicamente este facto pode ser explicado uma vez que as consequências do crescimento estão relacionadas com a alteração das proporções lineares da área e volume dos zângãos (Michener, 2000; Cruz-Landim, 2009).

As estimativas de correlações genéticas obtidas para o peso à maturidade e comprimento total recorrendo aos coeficientes de parentesco 0.50 e 0.75, respetivamente (0.40 e 0.32) permitem considerar programas de seleção em que estas características sejam associadas sem que haja prejuízo de nenhuma delas. Na Tabela 9 as restantes estimativas entre peso à maturidade e demais características mostram correlações de magnitude baixa a moderada.

As correlações genéticas referentes ao comprimento total (CTOTAL) e comprimento do abdómen (CABD) à emergência (0.90 e 0.89), para os parentescos 0.50 e 0.75, respetivamente, apresentadas na Tabela 8, indicam que a seleção em função do comprimento total pode afetar em grande parte o comprimento do abdómen. O mesmo acontece para as estimativas à maturidade (0.74 e 0.73) apresentadas na Tabela 9. A

correlação genética entre comprimento total e comprimento da asa à emergência para ambos os parentescos apresenta elevada magnitude (0.88 e 0.86). Estes valores sugerem que a seleção dos zângãos em função do comprimento total pode beneficiar o comprimento do abdómen e o comprimento da asa. Estas correlações de magnitude alta são coerentes dado que o conjunto de genes que provavelmente são responsáveis pelos mecanismos do crescimento e desenvolvimento do comprimento corporal dos zângãos tende a alterar proporcionalmente o comprimento do abdómen.

O conhecimento dos valores de correlação genética do peso à emergência e à maturidade com outras características é uma das informações mais relevantes dado que é a característica de obtenção mais direta e por isso o maior objeto de estudo como possível critério de seleção. A correlação genética entre peso à emergência e peso à maturidade foi de 0.69 e 0.67, estes valores foram superiores comparativamente com as estimativas de correlação fenotípica (0.58 e 0.57) para os parentescos 0.50 e 0.75, respetivamente. De acordo com as estimativas genéticas, positivas e de alta magnitude, verifica-se que o peso à emergência poderá promover ganhos genéticos significantes para peso à maturidade se considerado como critério de seleção num programa de melhoramento genético.

Dada a não existência de trabalhos publicados sobre estimativas de correlações genéticas para características morfométricas de zângãos, as estimativas obtidas neste estudo foram comparadas com os resultados obtidos por Martins (2014) para uma população de rainhas *Apis mellifera* L. africanizadas do mesmo apiário onde decorreu este trabalho. As estimativas obtidas para características à emergência por esta autora sugerem correlações positivas de magnitude alta entre o peso e comprimento total (0.70), peso e largura do abdómen (0.86) e comprimento e largura do abdómen (0.63), e correlações positivas moderadas entre peso e comprimento do abdómen (0.46), comprimento total e largura do abdómen (0.47) e comprimento total e comprimento do abdómen (0.51). Comparativamente aos resultados deste trabalho as correlações entre o peso e as características supracitadas foram semelhantes (positivas e de magnitude alta), portanto suspeita-se que as variações genéticas aditivas responsáveis pelo aumento do peso, na grande maioria, são responsáveis pelo aumento do comprimento total e largura do abdómen para rainhas e zângãos *A. mellifera* L. africanizados. Todavia as estimativas de correlação genética entre comprimento total e comprimento do abdómen foram muito superiores neste trabalho (0.90 e 0.89) mas as estimativas para comprimento e largura

do abdómen foram semelhantes (0.56 e 0.58).

Nas Tabelas seguintes, 10 e 11, são apresentados os valores estimados de heritabilidade para cada característica quando analisadas duas a duas para os dois parentescos considerados. Estes valores devem ser comparados com as estimativas de heritabilidade das características quando avaliadas individualmente (Tabelas 1, 2, 3 e 4).

Tabela 10. Estimativas de heritabilidade (h^2) para peso (PESO), comprimento total (CTOTAL), comprimento (CABD) e largura de abdômen (LABD), comprimento (CASA) e largura de asa (LASA), comprimento (CTORAX), largura (LTORAX), altura de tórax (HTORAX) e peso (PESO₁) de zângãos africanizados *Apis mellifera* à **emergência e maturidade**, obtidas em análise bicarater com seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, considerando os coeficientes de parentesco de 0.50 e 0.75 entre zângãos irmãos.

	Parentesco			
	0.50		0.75	
	h_1^2	h_2^2	h_1^2	h_2^2
PESO, CTOTAL	0.80 (0.49 – 0.97)* (0.57 – 0.98)**	0.36 (0.19 – 0.51) (0.21 – 0.52)	0.77 (0.43 – 0.97) (0.50 – 0.99)	0.34 (0.19 – 0.48) (0.18 – 0.46)
PESO, CABD	0.83 (0.53 – 0.98) (0.61 – 0.99)	0.30 (0.16 – 0.43) (0.16 – 0.43)	0.80 (0.44 – 0.98) (0.52 – 0.99)	0.29 (0.15 – 0.43) (0.14 – 0.42)
PESO, LABD	0.88 (0.67 – 0.97) (0.75 – 0.99)	0.23 (0.09 – 0.44) (0.07 – 0.39)	0.83 (0.48 – 0.98) (0.58 – 0.99)	0.22 (0.08 – 0.45) (0.05 – 0.37)
PESO, CASA	0.87 (0.63 – 0.98) (0.71 – 0.99)	0.28 (0.12 – 0.55) (0.09 – 0.48)	0.83 (0.47 – 0.98) (0.58 – 0.99)	0.25 (0.11 – 0.50) (0.08 – 0.42)
PESO, LASA	0.85 (0.58 – 0.98) (0.65 – 0.99)	0.16 (0.08 – 0.27) (0.07 – 0.25)	0.79 (0.43 – 0.97) (0.50 – 0.99)	0.14 (0.07 – 0.26) (0.05 – 0.23)
PESO, CTORAX	0.87 (0.65 – 0.97) (0.74 – 0.99)	0.31 (0.12 – 0.66) (0.09 – 0.54)	0.80 (0.50 – 0.95) (0.60 – 0.98)	0.28 (0.11 – 0.59) (0.08 – 0.51)
PESO, LTORAX	0.84 (0.58 – 0.97) (0.66 – 0.98)	0.31 (0.11 – 0.67) (0.07 – 0.56)	0.80 (0.50 – 0.95) (0.60 – 0.98)	0.28 (0.11 – 0.59) (0.08 – 0.51)
PESO, HTORAX	0.87 (0.61 – 0.98) (0.71 – 0.99)	0.32 (0.13 – 0.58) (0.11 – 0.53)	0.83 (0.47 – 0.97) (0.56 – 0.99)	0.29 (0.11 – 0.54) (0.09 – 0.48)
CTOTAL, CABD	0.50 (0.21 – 0.86) (0.18 – 0.81)	0.42 (0.16 – 0.75) (0.16 – 0.74)	0.41 (0.17 – 0.80) (0.13 – 0.73)	0.35 (0.14 – 0.71) (0.10 – 0.60)
CTOTAL, LABD	0.56 (0.21 – 0.93) (0.21 – 0.92)	0.38 (0.16 – 0.71) (0.12 – 0.65)	0.43 (0.16 – 0.90) (0.13 – 0.84)	0.38 (0.15 – 0.74) (0.11 – 0.66)
CTOTAL, CASA	0.56 (0.23 – 0.87) (0.24 – 0.87)	0.37 (0.14 – 0.66) (0.12 – 0.62)	0.46 (0.17 – 0.83) (0.17 – 0.83)	0.32 (0.11 – 0.64) (0.11 – 0.64)
CTOTAL, LASA	0.58 (0.22 – 0.93) (0.27 – 0.95)	0.31 (0.10 – 0.70) (0.07 – 0.61)	0.47 (0.17 – 0.89) (0.14 – 0.85)	0.27 (0.08 – 0.68) (0.06 – 0.55)
CTOTAL, CTORAX	0.58 (0.22 – 0.92) (0.27 – 0.96)	0.37 (0.13 – 0.80) (0.09 – 0.71)	0.48 (0.16 – 0.91) (0.15 – 0.89)	0.31 (0.10 – 0.72) (0.07 – 0.61)
CTOTAL, LTORAX	0.58 (0.22 – 0.92) (0.27 – 0.96)	0.36 (0.12 – 0.79) (0.08 – 0.70)	0.48 (0.16 – 0.91) (0.14 – 0.87)	0.31 (0.10 – 0.76) (0.06 – 0.61)
CTOTAL, HTORAX	0.59 (0.24 – 0.93) (0.25 – 0.93)	0.38 (0.14 – 0.75) (0.10 – 0.67)	0.48 (0.17 – 0.91) (0.15 – 0.89)	0.32 (0.11 – 0.72) (0.06 – 0.61)
CABD, LABD	0.50 (0.17 – 0.91) (0.19 – 0.93)	0.29 (0.09 – 0.65) (0.06 – 0.54)	0.40 (0.14 – 0.88) (0.09 – 0.79)	0.25 (0.08 – 0.63) (0.05 – 0.50)
CABD, CASA	0.49 (0.18 – 0.87) (0.16 – 0.84)	0.38 (0.13 – 0.81) (0.10 – 0.71)	0.40 (0.14 – 0.84) (0.08 – 0.74)	0.32 (0.10 – 0.73) (0.07 – 0.63)
CABD, LASA	0.52 (0.18 – 0.93) (0.18 – 0.93)	0.12 (0.09 – 0.17) (0.09 – 0.15)	0.54 (-0.08 – 0.91) (0.07 – 0.94)	0.22 (0.08 – 0.49) (0.06 – 0.40)
CABD, CTORAX	0.50 (0.17 – 0.90) (0.17 – 0.90)	0.37 (0.13 – 0.82) (0.08 – 0.71)	0.41 (0.14 – 0.88) (0.08 – 0.80)	0.33 (0.10 – 0.80) (0.07 – 0.67)
CABD, LTORAX	0.50 (0.18 – 0.90) (0.18 – 0.89)	0.38 (0.12 – 0.87) (0.07 – 0.77)	0.41 (0.13 – 0.87) (0.10 – 0.79)	0.31 (0.10 – 0.75) (0.07 – 0.63)
CABD, HTORAX	0.50 (0.18 – 0.90) (0.15 – 0.86)	0.40 (0.14 – 0.79) (0.09 – 0.72)	0.42 (0.13 – 0.87) (0.10 – 0.82)	0.33 (0.10 – 0.74) (0.08 – 0.65)
LABD, CASA	0.29 (0.09 – 0.90) (0.06 – 0.59)	0.37 (0.12 – 0.82) (0.08 – 0.75)	0.25 (0.08 – 0.70) (0.05 – 0.52)	0.31 (0.10 – 0.81) (0.07 – 0.67)
LABD, LASA	0.31 (0.09 – 0.78) (0.07 – 0.65)	0.33 (0.10 – 0.81) (0.05 – 0.69)	0.24 (0.08 – 0.68) (0.05 – 0.52)	0.27 (0.08 – 0.76) (0.05 – 0.60)
LABD, CTORAX	0.29 (0.09 – 0.73) (0.06 – 0.59)	0.38 (0.13 – 0.81) (0.08 – 0.73)	0.25 (0.08 – 0.65) (0.05 – 0.49)	0.32 (0.10 – 0.80) (0.06 – 0.66)
LABD, LTORAX	0.31 (0.10 – 0.78) (0.06 – 0.64)	0.38 (0.13 – 0.86) (0.10 – 0.79)	0.25 (0.08 – 0.68) (0.05 – 0.53)	0.31 (0.10 – 0.77) (0.07 – 0.65)
LABD, HTORAX	0.30 (0.09 – 0.75) (0.06 – 0.62)	0.39 (0.13 – 0.84) (0.08 – 0.75)	0.33 (0.10 – 0.83) (0.05 – 0.71)	0.39 (0.13 – 0.84) (0.09 – 0.76)
CASA, LASA	0.36 (0.16 – 0.63) (0.13 – 0.58)	0.42 (0.13 – 0.88) (0.08 – 0.80)	0.33 (0.10 – 0.80) (0.08 – 0.12)	0.29 (0.09 – 0.76) (0.05 – 0.63)
CASA, CTORAX	0.37 (0.13 – 0.81) (0.10 – 0.70)	0.38 (0.13 – 0.82) (0.08 – 0.75)	0.32 (0.10 – 0.77) (0.07 – 0.66)	0.32 (0.11 – 0.78) (0.06 – 0.65)
CASA, LTORAX	0.38 (0.13 – 0.86) (0.09 – 0.75)	0.38 (0.13 – 0.86) (0.09 – 0.77)	0.30 (0.10 – 0.78) (0.07 – 0.64)	0.31 (0.10 – 0.76) (0.07 – 0.66)
CASA, HTORAX	0.38 (0.13 – 0.80) (0.08 – 0.70)	0.40 (0.14 – 0.81) (0.11 – 0.75)	0.31 (0.10 – 0.73) (0.07 – 0.63)	0.33 (0.11 – 0.75) (0.06 – 0.66)
LASA, CTORAX	0.33 (0.10 – 0.83) (0.06 – 0.72)	0.39 (0.13 – 0.84) (0.08 – 0.75)	0.27 (0.08 – 0.71) (0.04 – 0.53)	0.32 (0.10 – 0.79) (0.07 – 0.65)
LASA, LTORAX	0.34 (0.11 – 0.80) (0.07 – 0.70)	0.38 (0.13 – 0.82) (0.11 – 0.77)	0.26 (0.08 – 0.69) (0.05 – 0.54)	0.30 (0.09 – 0.75) (0.06 – 0.65)
LASA, HTORAX	0.32 (0.10 – 0.83) (0.06 – 0.69)	0.39 (0.13 – 0.84) (0.11 – 0.80)	0.27 (0.08 – 0.72) (0.08 – 0.72)	0.31 (0.10 – 0.73) (0.10 – 0.73)
CTORAX, LTORAX	0.37 (0.13 – 0.80) (0.09 – 0.73)	0.39 (0.12 – 0.88) (0.10 – 0.79)	0.31 (0.10 – 0.73) (0.07 – 0.62)	0.31 (0.10 – 0.75) (0.06 – 0.64)
CTORAX, HTORAX	0.38 (0.12 – 0.83) (0.08 – 0.77)	0.38 (0.13 – 0.83) (0.09 – 0.75)	0.33 (0.10 – 0.82) (0.07 – 0.72)	0.33 (0.11 – 0.80) (0.08 – 0.68)
LTORAX, HTORAX	0.40 (0.12 – 0.87) (0.09 – 0.79)	0.39 (0.13 – 0.82) (0.10 – 0.74)	0.32 (0.09 – 0.79) (0.05 – 0.67)	0.32 (0.10 – 0.78) (0.07 – 0.65)
PESO, PESO ₁	0.84 (0.56 – 0.98) (0.65 – 0.98)	0.51 (0.22 – 0.84) (0.19 – 0.79)	0.79 (0.45 – 0.97) (0.53 – 0.99)	0.48 (0.19 – 0.82) (0.18 – 0.80)

* Intervalo de credibilidade ao nível de 90%; ** Região de alta densidade ao nível de 90%; *** nc (não convergência)

Tabela 11. Estimativas de heritabilidade (h^2) para peso (PES01), comprimento total (CTOTAL1), comprimento (CABD1) e largura de abdômen (LABD1), comprimento (CASA1) e largura de asa (LASA1), comprimento (CTORAX1), largura (LTORAX1) e altura de tórax (HTORAX1) de zângãos africanizados *Apis mellifera* à maturidade, obtidas em análise bicarater com seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, ao nível de 90%, considerando os coeficientes de parentesco de 0.50 e 0.75 entre zângãos irmãos.

	Parentesco			
	0.50		0.75	
	h_1^2	h_2^2	h_1^2	h_2^2
PES01, CTOTAL1	0.60 (0.21 - 0.92)* (0.27 - 0.96)**	0.52 (0.14 - 0.93) (0.18 - 0.97)	0.55 (0.18 - 0.91) (0.20 - 0.92)	0.49 (0.12 - 0.93) (0.15 - 0.96)
PES01, CABD1	0.55 (0.20 - 0.90) (0.23 - 0.92)	0.63 (0.18 - 0.95) (0.25 - 0.97)	0.51 (0.18 - 0.90) (0.19 - 0.91)	0.57 (0.16 - 0.94) (0.20 - 0.97)
PES01, LABD1	0.60 (0.20 - 0.92) (0.24 - 0.94)	0.45 (0.10 - 0.92) (0.08 - 0.89)	0.59 (0.20 - 0.92) (0.25 - 0.95)	0.42 (0.09 - 0.92) (0.06 - 0.85)
PES01, CASA1	0.43 (0.16 - 0.87) (0.11 - 0.80)	0.91 (0.81 - 0.97) (0.83 - 0.98)	0.47 (0.13 - 0.82) (0.09 - 0.72)	0.90 (0.79 - 0.97) (0.82 - 0.97)
PES01, LASA1	0.44 (0.15 - 0.87) (0.11 - 0.82)	0.93 (0.85 - 0.97) (0.88 - 0.98)	0.40 (0.14 - 0.87) (0.11 - 0.81)	0.92 (0.85 - 0.97) (0.87 - 0.98)
PES01, CTORAX1	0.61 (0.21 - 0.92) (0.27 - 0.96)	0.39 (0.09 - 0.88) (0.06 - 0.81)	0.57 (0.19 - 0.92) (0.22 - 0.95)	0.39 (0.09 - 0.90) (0.06 - 0.84)
PES01, LTORAX1	0.53 (0.18 - 0.89) (0.18 - 0.89)	0.60 (0.18 - 0.93) (0.24 - 0.96)	0.49 (0.18 - 0.84) (0.15 - 0.81)	0.56 (0.17 - 0.93) (0.21 - 0.96)
CTOTAL1, CABD1	0.56 (0.16 - 0.92) (0.20 - 0.94)	0.68 (0.22 - 0.95) (0.30 - 0.97)	0.50 (0.14 - 0.90) (0.16 - 0.91)	0.64 (0.17 - 0.94) (0.23 - 0.97)
CTOTAL1, LABD1	0.60 (0.15 - 0.95) (0.20 - 0.98)	0.46 (0.12 - 0.90) (0.09 - 0.86)	0.56 (0.13 - 0.93) (0.16 - 0.95)	0.46 (0.11 - 0.91) (0.11 - 0.90)
CTOTAL1, CASA1	0.35 (0.10 - 0.90) (0.06 - 0.78)	0.92 (0.83 - 0.97) (0.86 - 0.98)	0.31 (0.09 - 0.86) (0.04 - 0.70)	0.91 (0.82 - 0.97) (0.85 - 0.98)
CTOTAL1, LASA1	0.37 (0.11 - 0.90) (0.05 - 0.78)	0.92 (0.83 - 0.97) (0.86 - 0.98)	0.31 (0.10 - 0.81) (0.09 - 0.81)	0.91 (0.83 - 0.96) (0.85 - 0.96)
CTOTAL1, CTORAX1	0.58 (0.15 - 0.94) (0.19 - 0.96)	0.46 (0.11 - 0.90) (0.10 - 0.89)	0.56 (0.13 - 0.94) (0.13 - 0.94)	0.45 (0.10 - 0.91) (0.10 - 0.91)
CTOTAL1, LTORAX1	0.54 (0.15 - 0.93) (0.15 - 0.93)	0.65 (0.20 - 0.95) (0.27 - 0.98)	0.50 (0.13 - 0.92) (0.11 - 0.90)	0.62 (0.17 - 0.95) (0.22 - 0.97)
CABD1, LABD1	0.67 (0.24 - 0.95) (0.32 - 0.97)	0.44 (0.11 - 0.88) (0.06 - 0.81)	0.60 (0.19 - 0.93) (0.24 - 0.96)	0.44 (0.11 - 0.89) (0.07 - 0.81)
CABD1, CASA1	0.45 (0.14 - 0.93) (0.14 - 0.92)	0.93 (0.86 - 0.97) (0.88 - 0.98)	0.38 (0.12 - 0.90) (0.08 - 0.83)	0.93 (0.85 - 0.98) (0.88 - 0.98)
CABD1, LASA1	0.42 (0.14 - 0.90) (0.14 - 0.88)	0.91 (0.82 - 0.97) (0.85 - 0.98)	0.40 (0.12 - 0.91) (0.08 - 0.82)	0.91 (0.82 - 0.96) (0.85 - 0.97)
CABD1, CTORAX1	0.68 (0.22 - 0.95) (0.30 - 0.97)	0.42 (0.10 - 0.87) (0.07 - 0.79)	0.64 (0.19 - 0.95) (0.24 - 0.96)	0.41 (0.10 - 0.87) (0.06 - 0.77)
CABD1, LTORAX1	0.66 (0.26 - 0.94) (0.33 - 0.97)	0.64 (0.22 - 0.93) (0.29 - 0.97)	0.61 (0.19 - 0.94) (0.26 - 0.97)	0.61 (0.19 - 0.93) (0.26 - 0.97)
LABD1, CASA1	0.25 (0.08 - 0.70) (0.05 - 0.49)	0.86 (0.74 - 0.95) (0.77 - 0.96)	0.23 (0.08 - 0.56) (0.04 - 0.41)	0.86 (0.74 - 0.94) (0.76 - 0.95)
LABD1, LASA1	0.27 (0.08 - 0.79) (0.04 - 0.58)	0.91 (0.81 - 0.96) (0.84 - 0.97)	0.25 (0.07 - 0.71) (0.05 - 0.53)	0.90 (0.81 - 0.96) (0.82 - 0.97)
LABD1, CTORAX1	0.53 (0.12 - 0.94) (0.12 - 0.93)	0.47 (0.11 - 0.91) (0.09 - 0.88)	0.48 (0.10 - 0.93) (0.09 - 0.92)	0.44 (0.10 - 0.90) (0.09 - 0.89)
LABD1, LTORAX1	0.46 (0.11 - 0.92) (0.09 - 0.89)	0.68 (0.20 - 0.95) (0.28 - 0.98)	0.42 (0.10 - 0.89) (0.07 - 0.82)	0.65 (0.19 - 0.95) (0.25 - 0.97)
CASA1, LASA1	0.94 (0.86 - 0.98) (0.88 - 0.98)	0.93 (0.86 - 0.97) (0.88 - 0.98)	0.93 (0.85 - 0.97) (0.87 - 0.98)	0.92 (0.83 - 0.97) (0.85 - 0.98)
CASA1, CTORAX1	0.94 (0.86 - 0.98) (0.89 - 0.98)	0.24 (0.07 - 0.61) (0.04 - 0.43)	0.94 (0.88 - 0.98) (0.90 - 0.98)	0.24 (0.07 - 0.66) (0.04 - 0.47)
CASA1, LTORAX1	0.94 (0.87 - 0.98) (0.88 - 0.98)	0.42 (0.13 - 0.90) (0.09 - 0.84)	0.93 (0.86 - 0.98) (0.88 - 0.98)	0.36 (0.11 - 0.84) (0.08 - 0.72)
LASA1, CTORAX1	0.92 (0.85 - 0.97) (0.87 - 0.98)	0.26 (0.08 - 0.73) (0.04 - 0.51)	0.92 (0.84 - 0.97) (0.86 - 0.98)	0.23 (0.07 - 0.61) (0.05 - 0.44)
LASA1, LTORAX1	0.90 (0.81 - 0.96) (0.83 - 0.97)	0.44 (0.13 - 0.91) (0.08 - 0.85)	0.89 (0.80 - 0.96) (0.82 - 0.97)	0.37 (0.12 - 0.88) (0.09 - 0.81)
CTORAX1, LTORAX1	0.42 (0.11 - 0.87) (0.09 - 0.82)	0.69 (0.23 - 0.96) (0.31 - 0.98)	0.40 (0.09 - 0.88) (0.10 - 0.80)	0.65 (0.17 - 0.95) (0.25 - 0.98)

* Intervalo de credibilidade ao nível de 90%; ** Região de alta densidade ao nível de 90%; *** nc (não convergência)

Nas Tabelas 10 e 11 verificam-se que as estimativas de heritabilidade foram de magnitude média a alta para o peso, comprimento total e comprimento do abdômen com as demais características. Considerando os valores das heritabilidades da análise bicarater, para os parentescos 0.50 e 0.75 respectivamente, houve aumento na estimativa para o peso à emergência quando combinado com o comprimento total (0.80), comprimento do abdômen (0.83 e 0.80), largura do abdômen (0.88 e 0.83), comprimento da asa (0.87 e 0.83), largura da asa (0.85 e 0.79), comprimento do tórax (0.87 e 0.80), largura do tórax (0.84 e 0.80), altura do tórax (0.87 e 0.83) e peso à maturidade (0.84 e 0.79) em relação à análise unicarater do peso (0.78). O mesmo acontece para o peso à maturidade quando combinado com o comprimento total, abdômen e tórax à maturidade, Tabela 12. De forma geral as características à emergência e maturidade, considerando ambos os parentescos, em análise bicarater apresentaram estimativas de heritabilidade superior comparativamente às obtidas na análise unicarater. Estas superioridades dos coeficientes de heritabilidade registrados nas análises bicarater indicam que esta análise contribuiu para resgatar uma maior proporção da variância genética aditiva, possivelmente devendo-se ao maior número de informações utilizadas.

CONCLUSÕES

Aliados aos trabalhos fenotípicos, os estudos genéticos que visem a obtenção de critérios de seleção usando a estimação da variância genética aditiva para características morfométricas de zângãos *A. mellifera* são importantes para a correta estruturação de um processo de seleção.

Recorrendo ao modelo animal tradicional, a utilização dos coeficientes de parentesco 0.50 e 0.75 entre zângãos irmãos não demonstrou diferenças significantes nas estimativas obtidas.

As características morfométricas à emergência e maturidade podem ser utilizadas como critérios de seleção em programas de melhoramento genético, quando avaliadas isoladamente.

Este estudo permitiu verificar que as correlações genéticas entre o peso e as restantes características à emergência aparentam ser em parte pelo mesmo conjunto de genes, indicando que o peso à emergência pode ser utilizado em programas de melhoramento genético animal promovendo o consequente aumento das demais características morfométricas se estas forem importantes para o programa.

Se considerado como critério de seleção, o peso à maturidade demonstra potencial para promover ganhos genéticos significantes no comprimento total à maturidade.

A seleção para o peso à emergência possivelmente resultará num grande progresso genético para o peso à maturidade.

A magnitude dos intervalos de credibilidade e a não-convergência de algumas cadeias evidenciam a necessidade de estudos como este, com amostras maiores, com gerações e com conhecimento da genealogia paterna, recorrendo à inseminação instrumental. Adicionalmente, são importantes a estimação de parâmetros genéticos para características reprodutivas associadas a características morfométricas e a construção e execução de programas de seleção para corroborar as conclusões do presente trabalho.

REFERÊNCIAS

- Alcock, J., Thornhill, R. (2014) The evolution of insect mating systems. *The Evolution of Insect Mating Systems*, 275p.
- Bar-Cohen, R., Alpern, G., Bar-Anan, R. (1978) Progeny testing and selecting Italian queens for brood area and honey production. *Apidologie*, 9, 95-100p.
- Ben Abdelkader, F., Kairo, G., Tchamitchian, S., Cousin, M., Senechal, J., Crauser, D., Brunet, J.-L. (2013) Semen quality of honey bee drones maintained from emergence to sexual maturity under laboratory, semi-field and field conditions. *Apidologie*, 45(2), 215-223p.
- Berg, S., Koeniger, N., Koeniger, G., Fuchs, S. (1997) Body size and reproductive success of drones. *Apidologie*, 28(6), 449-460p.
- Bienefeld, K., Ehrhardt, K., Reinhardt, F. (2007) Genetic evaluation in the honey bee considering queen and worker effects – A BLUP - Animal Model approach. *Apidologie*, 38(1), 77-85p.
- Bienefeld, K., Pirchner, F. (1990) Heritabilities for several colony traits in the honeybee (*Apis mellifera carnica*). *Apidologie*, 21(3), 175-183p.
- Bieńkowska, M., Panasiuk, B., Węgrzynowicz, P., Gerula, D. (2011) The effect of different thermal conditions on drone semen quality and number of spermatozoa entering the spermatheca of queen bee. *Journal of Apiculture Research*, 55(2), 161-168p.
- Boes, K. E. (2010) Honeybee colony drone production and maintenance in accordance with environmental factors: an interplay of queen and worker decisions. *Insectes Sociaux*, 57(1), 1-9p.
- Brascamp, E. W., Bijma, P. (2014) Methods to estimate breeding values in honey bees. *Genetics, Selection, Evolution*, 46(1), 53p.
- Bryant, E. H. (2001) Fitness decline under relaxed selection in captive populations. *Conservation Biology*, 13(3), 665-69p.
- Chevalet, C., Cornuet, J. M. (1982) Étude théorique sur la selection du caractère production de miel chez l'abeille. I. Modèle génétique et statistique. *Apidologie*, 18(3), 39-65p.
- Cobey, S. W. (2007) Comparison studies of instrumentally inseminated and naturally mated honey bee queens and factors affecting their performance. *Apidologie*, 38(4), 390-410p.
- Cobey, S., Sheppard, W. S., Tarpy, D. R. (2012) Status of breeding practices and genetic diversity in domestic US honey bees. *Honey bee colony health: Challenges and Sustainable Solutions*. CRC, Boca Raton, FL, 39-49p.
- Collins, A. M., Pesante, D., Daniel, R., Lancaster, V., & Baxter, J. (1985) A Comparison of Africanized and European Drones : Weights, Mucus Gland and Seminal Vesicle Weights,

and Counts of Spermatozoa. *Apidologie*, 16(4), 407–412p.

Costa, F.M. (2005) Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para peso e medidas morfométricas em rainhas *Apis mellifera* africanizadas. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, Universidade Estadual de Maringá, Maringá. 39p.

Costa-Maia, F. M. (2009) Aspectos genéticos da produção de mel e comportamento higiênico em abelhas *Apis mellifera* africanizadas. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá. 77p.

Costa-Maia, F. M., de Toledo, V. de A. A., Martins, E. N., Lino-Lourenço, D. A., Sereia, M. J., de Oliveira, C. A. L., ... Halak, A. L. (2011) Estimates of covariance components for hygienic behavior in Africanized honeybees (*Apis mellifera*). *Revista Brasileira de Zootecnia*, 40(9), 1909–1916p.

Costa-Maia, F. M., Martins, E. N., Migliorini, E., Stivanin, T. E., Souza, M., Rodrigues, M. C., Lino-Lourenco, D. A., Silva, E. L. R., Potrich, M., Diniz, F. T., ... Raulino, F. (2015) Abstract: Genetic parameters for reproductive traits of Africanized drones *Apis mellifera* L. (Apidae). 66th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Warsaw, Poland.

Crow, J. F., Roberts, W. C. (1950) Inbreeding and homozygosity in bees. *Genetics*, 35, 612–621p.

Cruz-Landim, C. (2004) Biologia do desenvolvimento em abelhas. Departamento Biologia, Instituto de Biociências, UNESP/Rio Claro. Disponível em <http://www.rc.unesp.br/ib/biologia/Carminda.html>

Cruz-Landim, C. (2009) Abelhas: morfologia e função de sistemas. Editora UNESP, São Paulo, Brazil, 416p.

Cruz, C. D. Programa GENES - Versão Windows. Aplicativo Computacional em Genética e Estatística. 1a. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 1, 648 p.

Czekońska, K., Chuda-Mickiewicz, B., Chorbiński, P. (2013) The influence of honey bee (*Apis mellifera*) drone age on volume of semen and viability of spermatozoa. *Journal of Apicultural Science*, 57(1), 61–66p.

Dade, H. A. (1994) Anatomy and dissection of the honeybee. The Alden Press, Oxford, UK, 158p.

Duay, P., De Jong, D., Engels, W. (2003) Weight loss in drone pupae (*Apis mellifera*) multiply infested by *Varroa destructor* mites. *Apidologie*, 34(1), 61–65p.

Evans, J. D., Wheeler, D. E. (2001) Expression profiles during honeybee caste determination. *Genome Biology*, 2(1), 1-0001p.

Falconer, D. S. (1987) Introdução a genética quantitativa. Viçosa: UFV. Imprensa

Universitária, 279p.

Faquinello, P. (2007) A valiação genética em abelhas *Apis mellifera* africanizadas para produção de geléia real. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – UEM, Universidade Estadual de Maringá, Maringá. 54p.

Free, J. B. (1957) The food of adult drone honeybees (*Apis mellifera*). British Journal of Animal Behavior, 5(1) 7–11p.

Fuchs, S., Schade, V. (1994) Lower performance in honey bee colonies of uniform paternity. Apidologie, 24, 155-168p.

Gilley, D. C., Tarpy, D. R., Land, B. B. (2003) The effect of queen quality on the interactions of workers and dueling queen honey bees (*Apis mellifera* L.). Behavioral Ecology and Sociobiology, 55(2) 190-196p.

Heidelberger, P., Welch, P. D. (1983) Simulation run length control in the presence of an initial transient. Operations Research, 31(6), 1109-1144p.

Henderson, C. R. (1975) Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model, Biometrics, 31 (2), 423–447p.

Jarolimek J. P., Otis G. W. (2001) A comparison of fitness components in large and small honeybee drones, American Bee Journal, 12, 891–892p.

Kerr, W. E., Vencovsky, R. (1982). Melhoramento genético em abelhas. I. Efeito do número de colônias sobre o melhoramento. Revista Brasileira de Genética, 279-285p.

Lahti, D. C., Johnson, N., Ajie, B. C., Otto, S. P., Hendry, A. P., Blumstein, D. T., ... Foster, S. a. (2009) Relaxed selection in the wild. Trends in Ecology and Evolution, 24(9), 487–496p.

Laidlaw, H. H., Page, R. E. (1984) Polyandry in honey bees (*Apis mellifera* L.): Sperm utilization and intracolony genetic relationship. Genetics, 108, 985-997p.

Lopes, P. S. (2005) Teoria do Melhoramento Animal. Belo Horizonte: FEPMVZ-Editora, 118p.

Martins, J. R. (2014) Aspectos genéticos de características morfométricas e reprodutivas de rainhas *Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae) africanizadas. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) Programa de Pós Graduação em Zootecnia - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos. 89p.

Mattila, H. R., Seeley, T. D. (2007) Genetic diversity in honey bee colonies enhances productivity and fitness. Science, 317(5836), 362-364p.

Michener, C. D. (2000) The Bees of the World. Baltimore: The Johns Hopkins University Press, 992p.

Moritz, R. F. A. (1986) Comparison of within-family and mass selection in honeybee populations. Journal of Apicultural Research, 25, 146-453p.

- Moritz, R. F. A., Southwick, E. E. (1992) Bees as superorganisms: an evolutionary reality. Springer Science & Business Media, 395p.
- Page R. E. (1986) Sperm utilization in social insects, *Annual Review Entomology*, 31(1), 297–320p.
- Page, R. E., Laidlaw, H. H. (1982) Closed population honeybee breeding. 2. Comparative methods of stock maintenance and selective breeding. *Journal of Apicultural Research*, 21(1), 38-44p.
- Page, R. E., Laidlaw, H. H. (1997) Honey bee genetics and breeding. In: GRAHAM, J.M. (Ed.) *The hive and the honey bee*. Illinois: Dadant and Sons, 253-267p.
- Page, R. E., Peng, C. Y. (2001) Aging and development in social insects with emphasis on the honey bee, *Apis mellifera* L. *Experimental Gerontology*, 36(4-6), 695–711p.
- Pereira, J. C. (2012) Melhoramento genético aplicado à produção animal. Belo Horizonte: FEPMVZ, 758p.
- Polhemus, M. S., Lush, J. L., Rothenbuhler, W. C. (1950) Mating systems in honey bees. *Journal of Heredity*, 41, 151-154p.
- R Development core team (2013) R: a language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2013. Disponível em: <<http://www.R-project.org>> Acesso em 06 set. 2015.
- Rhodes, J. W. (2002) Introduction and early performance of queen bees – some factors affecting success, RIRDC Report, Rural Industries Research and Development Corporation, Canberra, ACT, Australia, 49p.
- Rhodes, J. W. (2008) Semen production in drone honeybees. Rural Industries Research and Development Corporation, 130(08), 95p.
- Richard, F. J., Tarpy, D. R., Grozinger, C. M. (2007) Effects of insemination quantity on honey bee queen physiology. *PLoS ONE*, 2(10), 980p.
- Rinderer T. E., Collins A. M., Pesante D. (1985) A comparison of Africanized and European drones: weights, mucus gland and seminal vesicle weights, and counts of spermatozoa, *Apidologie* 16(4), 407–412p.
- Rinderer, T. E. (1977) Measuring the heritability of characters of honeybees. *Journal of Apicultural Research*, 16(1), 95-98p.
- Rinderer, T. E., Collins, A. M. (1986) *Bee Genetics and Breeding*. Elsevier. Academic Press: London, 391–413p.
- Schluns, H. S., Schlüns, E. A. S., Praagh, van J. (2003) Sperm numbers in drone honeybees (*Apis mellifera*) depend on body size. *Apidologie*, 34(6), 577–584p.
- Seeley T. D., Tarpy D. R. (2007) Queen promiscuity lowers disease within honey bee colonies. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 274(1606):

67-72p.

Sereia, M. J. (2009) Suplementos proteicos para abelhas africanizadas submetidas à produção de geleia real. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 92p.

Shoukry, R. S., Khattaby, A. M., El-Sheakh, A. A., Abo-Ghalia, A. H., Elbanna, S. M. (2013) Effect of some materials for controlling varroa mite on the honeybee drones (*Apis mellifera* L.). Egyptian Journal of Agricultural Research, 91(3), 825–834p.

Soller, M., Bar-Cohen, R. (1967) Some observations on the heritability and genetic correlation between honey production and brood area in the honey bee. Journal of Apicultural Research, 6(1), 37-43p.

Taha, E. A., Alqarni, A. S. (2013) Morphometric and reproductive organs characters of *Apis mellifera jemenitica* drones in comparison to *Apis mellifera carnica*. International Journal of Scientific & Engineering Research, 4(10), 411–415p.

Tarpy, D. R., Hatch, S., Fletcher, J. C. (2000) The influence of queen age and quality during queen replacement in honeybee colonies. Animal Behaviour, 59(1), 97-101p.

Trivers, R. L. (1985) Social Evolution. The Benjamin/Cummings Publication Company, CA.

Van Tassell, C. P., Van Vleck, L. D. (1995) A manual for use of MTGSAM: A set of fortran programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT]. Lincon: Departament of Agriculture/Agricultural Research Service, 85p.

Wharton, K. E., Dyer F. C., Huang Z. Y., Getty T. (2007) The honeybee queen influences the regulation of colony drone production. Behavioral Ecology, 18(6) 1092–1099p.

Wharton, K. E., Dyer, F. C., Getty T. (2008) Male elimination in the honeybee. Behavioral Ecology. 18(6) 1075–1079p.

Willham, R. L. (1963) The covariance between relatives for characters composed of components contributed by related individuals. Biometrics, 19, 18-27p.

Williams, I., Free, J. B. (1975) Factors determining the rearing and rejection of drones by the honey bee colony. Animal Behavior, 23, 650–675p.

Winston, M. (1988) Insectes Sociaux, Paris Book Analysis/Analyse de Livre. Insectes Sociaux, Paris Book Analysis, 316–318p.

Woyke, J. (1955) Multiple mating of the honeybee queen (*Apis mellifica* L.) in one nuptial flight. Bulletin de l'Académie Polonaise Des Sciences, 3(5), 175–180p.

Woyke, J. (1978) Comparative biometrical investigation on diploid drones of the honeybee I. The head. Journal of Apicultural Research, 17(4), 206–217p.

Woyke, J., Ruttner, F. (1958) An anatomical study of the mating process in the honeybee. Bee World, 39(1), 3–18p.

Zakour, M. K., Ehrhardt, K., Bienefeld, K. (2012) First estimate of genetic parameters for the Syrian honey bee *Apis mellifera syriaca*. *Apidologie*, 43(5), 600–607p.